

(19) 世界知的所有権機関
国際事務局



(43) 国際公開日
2003年3月27日 (27.03.2003)

PCT

(10) 国際公開番号
WO 03/025570 A1

(51) 国際特許分類⁷: G01N 33/53, C12N 15/86, 15/45, 7/01

つくば市 観音台 1 丁目 2 5 番 1 1 号 株式会社ディ
ナベック研究所内 Ibaraki (JP).

(21) 国際出願番号: PCT/JP02/09558

(22) 国際出願日: 2002年9月18日 (18.09.2002)

(74) 代理人: 清水 初志, 外(SHIMIZU, Hatsushi et al.); 〒
300-0847 茨城県 土浦市 卸町 1-1-1 関鉄つくばビ
ル 6 階 Ibaraki (JP).

(25) 国際出願の言語: 日本語

(26) 国際公開の言語: 日本語

(30) 優先権データ:
特願2001-283451 2001年9月18日 (18.09.2001) JP
特願 2001-356336
2001年11月21日 (21.11.2001) JP

(81) 指定国 (国内): AE, AG, AL, AM, AT, AU, AZ, BA, BB,
BG, BR, BY, BZ, CA, CH, CN, CO, CR, CU, CZ, DE, DK,
DM, DZ, EC, EE, ES, FI, GB, GD, GE, GH, GM, HR, HU,
ID, IL, IN, IS, JP, KE, KG, KR, KZ, LC, LK, LR, LS, LT,
LU, LV, MA, MD, MG, MK, MN, MW, MX, MZ, NO, NZ,
OM, PH, PL, PT, RO, RU, SD, SE, SG, SI, SK, SL, TJ, TM,
TN, TR, TT, TZ, UA, UG, US, UZ, VC, VN, YU, ZA, ZM,
ZW.

(71) 出願人 (米国を除く全ての指定国について): 株式会
社ディナベック研究所 (DNAVEC RESEARCH INC.)
[JP/JP]; 〒305-0856 茨城県 つくば市 観音台 1 丁目
2 5 番 1 1 号 Ibaraki (JP).

(84) 指定国 (広域): ARIPO 特許 (GH, GM, KE, LS, MW,
MZ, SD, SL, SZ, TZ, UG, ZM, ZW), ユーラシア特許
(AM, AZ, BY, KG, KZ, MD, RU, TJ, TM), ヨーロッパ
特許 (AT, BE, BG, CH, CY, CZ, DE, DK, EE, ES, FI, FR,
GB, GR, IE, IT, LU, MC, NL, PT, SE, SK, TR), OAPI 特
許 (BF, BJ, CF, CG, CI, CM, GA, GN, GQ, GW, ML, MR,
NE, SN, TD, TG).

(72) 発明者; および

(75) 発明者/出願人 (米国についてのみ): 井上 誠 (IN-
OUE, Makoto) [JP/JP]; 〒305-0856 茨城県 つくば市 観
音台 1 丁目 2 5 番 1 1 号 株式会社ディナベック
研究所内 Ibaraki (JP). 徳炭 由美子 (TOKUSUMI, Yu-
miko) [JP/JP]; 〒305-0856 茨城県 つくば市 観音台
1 丁目 2 5 番 1 1 号 株式会社ディナベック研究
所内 Ibaraki (JP). 飯田 章博 (IIDA, Akihiro) [JP/JP]; 〒
305-0856 茨城県 つくば市 観音台 1 丁目 2 5 番 1 1 号
株式会社ディナベック研究所内 Ibaraki (JP). 長谷川
護 (HASEGAWA, Mamoru) [JP/JP]; 〒305-0856 茨城県

添付公開書類:

— 国際調査報告書
— 請求の範囲の補正の期限前の公開であり、補正書受
領の際には再公開される。

2文字コード及び他の略語については、定期発行される
各PCTガゼットの巻頭に掲載されている「コードと略語
のガイダンスノート」を参照。

(54) Title: METHOD OF EXAMINING (-) STRAND RNA VIRUS VECTOR HAVING LOWERED ABILITY TO FORM
GRAINS AND METHOD OF CONSTRUCTING THE SAME

(54) 発明の名称: 粒子形成能が低下した(-)鎖RNAウィルスベクターの検査方法および製造方法

(57) Abstract: It is intended to provide a method of examining a (-) strand RNA virus vector having a lowered ability to form grains or a lowered cytotoxicity or lacking the same; and a method of constructing producing the vector. It is found out that the formation of virus-like grains in cells having a (-) strand RNA virus vector transferred therein can be regulated by lowering or eliminating the localization of M protein expressed in the cells. Thus, a method of examining a (-) strand RNA virus vector having a lowered ability to form grains or lacking the ability, a screening method, and a method of constructing the (-) strand RNA virus vector having a lowered ability to form grains or lacking the ability are provided. The vector having a lowered ability to form virus-like grains or lacking the ability is highly useful as a vector for gene therapy, since it never causes cell injury or immune induction due to the secondary release of the virus from the cells into which the vector has been transferred.

[続葉有]



(57) 要約:

本発明は、粒子形成能または細胞傷害性が低下または消失した(－)鎖RNAウィルスベクターの検査方法および製造方法を提供する。(－)鎖RNAウィルスベクターを導入した細胞で発現するM蛋白質の局在が低下または消失することにより、該細胞におけるウィルス様粒子形成を抑制できることを見出した。本発明は、粒子形成能が低下または消失した(－)鎖RNAウィルスベクターの検査方法、スクリーニング方法、および粒子形成能が低下または消失した組み換え(－)鎖RNAウィルスベクターの製造方法を提供する。ウィルス様粒子形成が低下または消失したベクターはベクターを導入した細胞からのウィルス2次放出による細胞障害や免疫誘導が惹起されないため、遺伝子治療用ベクターとして極めて有用である。

明細書

粒子形成能が低下した(-)鎖RNAウィルスベクターの検査方法および製造方法

技術分野

本発明は、粒子形成能が低下または消失した(-)鎖RNAウィルスベクターの検査方法および製造方法に関する。

背景技術

近年、センダイウィルス (SeV) を含む (-)鎖RNAウィルスの組み換え技術の開発により、遺伝子導入ベクターとしての利用が広がっている (国際公開番号 W000/70055 および W000/70070)。しかし、これらのベクターが持つ問題点の1つに、標的細胞へのベクター導入後に起こる細胞からのウィルスの2次放出がある。複製型ウィルスを感染させた細胞ではビリオンが形成され娘ウィルスが放出されるが、複製能を持たないF欠損SeVを導入した細胞等からもウィルス様粒子 (VLP: virus like particle) の放出が観察されている。このようなVLPを生産しないウィルスベクターの開発が望まれる。

発明の開示

本発明は、粒子形成能が低下または消失した(-)鎖RNAウィルスベクターの検査方法および製造方法を提供する。

Matrix (M) 蛋白はビリオン形成に中心的な役割をしていることが、センダイウィルス (SeV) や、他の (-)鎖RNAウィルスで報告されている。例えば、vesicular stomatitis virus (VSV) のM蛋白の強発現のみでウィルス様粒子 (VLP: virus like particle) の発芽が観察されており (Justice, P.A. et al., J. Virol. 69; 3156-3160 (1995))、またParainfluenza virusの場合もM蛋白のみの強発現でVL

Pが生じることが報告されている (Coronel, E.C. et al., J. Virol. 73; 7035-7038 (1999))。このようなM蛋白単独でのVLP形成に関しては、全ての(-)鎖RNAウィルスで観察されているわけではないが、M蛋白がビリオン形成のcoreになっていることは、全ての(-)鎖RNAウィルスで共通していると認識することができる (Garoff, H. et al., Microbiol. Mol. Biol. Rev. 62; 1171-1190 (1998))。

ビリオン形成に対するM蛋白の具体的な役割に関して主に以下のようにまとめることができる。ビリオン形成の場となるのは細胞膜上のリピッドラフト (Lipid rafts) と呼ばれている場 (Simons, K. and Ikonen, E. Nature 387; 569-572 (1997)) であり、元々はTriton X-100のような非イオン性界面活性剤に不溶性の脂質画分として同定された (Brown, D.A. and Rose, J.K. Cell 68; 533-544 (1992))。インフルエンザウィルス (Ali, A. et al., J. Virol. 74; 8709-8719 (2000))、麻疹ウィルス (Measles virus; MeV: Manie, S.N. et al., J. Virol. 74; 305-311 (2000)) 及びSeV (Ali, A. and Nayak, D.P. Virology 276; 289-303 (2000)) 等でリピッドラフト (Lipid rafts) でのビリオン形成が証明されており、そこでM蛋白はエンベロープ蛋白 (spike蛋白とも表記される) やribonucleoprotein (RNP) を濃縮しビリオン形成を促進する、即ちウィルスアセンブリと出芽 (budding) の駆動力となっていると考えられる (Cathomen, T. et al., EMBO J. 17; 3899-3908 (1998), Mebatsion, T. et al., J. Virol. 73; 242-250 (1999))。実際に、M蛋白はspike蛋白のcytoplasmic tailと結合することが、インフルエンザウィルス (Zhang, J. et al., J. Virol. 74; 4634-4644 (2000)) 及びSeV (Sanderson, C.M. et al., J. Virol. 67; 651-663 (1993)) 等で示されており、またRNPとの結合もインフルエンザウィルス (Ruigrok, R.W. et al., Virology 173; 311-316 (1989)) や、パラインフルエンザウィルス及びSeV (Coronel, E.C. et al., J. Virol. 75; 1117-1123 (2001)) 等で示されている。更に、M蛋白自身のオリゴマー形成への関与がSeV (Heggeness, M.H. et al., Proc.Natl.Acad.Sci.U.S.A. 79; 6232-6236 (1982)) 及び水疱性口内炎ウィルス (Vesicular Stomatitis Vir

us; VSV: Gaudin, Y. et al., *Virology* 206; 28-37 (1995), Gaudin, Y. et al., *J. Mol. Biol.* 274; 816-825 (1997)) 等で報告され、これら多くのウィルスコンポーネント及び脂質との結合能がウィルスアセンブリと出芽の駆動力としての役割を担わしていると考えられることができる。

これらの知見から本発明者らは、2次放出粒子、即ちVLP放出抑制を目的とした改変の為には、M蛋白に着目すべきであると考えた。また、エンベロープ蛋白 (spike蛋白) に関しても改変によりVLP放出抑制に繋がる可能性も既に幾つか示唆されている。ビリオン形成が実際に減少した具体的な報告として以下の実験例がある。狂犬病ウィルス (Rabies virus; RV) の場合、G蛋白欠失型においてVLP形成が1/30に減少し (Mebatsion, T. et al., *Cell* 84; 941-951 (1996))、M蛋白欠失型においては1/500,000以下に減少したと報告されている (Mebatsion, T. et al., *J. Virol.* 73; 242-250 (1999))。また、麻疹ウィルス (MeV) の場合、M蛋白欠失型においてcell-to-cellの融合が亢進し (Cathomen, T. et al., *EMBO J.* 17; 3899-3908 (1998))、これはビリオン形成が抑制された為であると考えられることができる。また、同様の融合亢進がF或いはH蛋白のcytoplasmic tail (細胞質側のテール) の変異によっても生じている (Cathomen, T. et al., *J. Virol.* 72; 1224-1234 (1998))。特にSeVにおいては以下の点も明らかになっている。SeVのF及びHNが分泌経路に載っている間 (即ちゴルジ体等に存在している間)、それぞれ (F及びHN) のCytoplasmic tailがM蛋白と結合していることが示されている (Sanderson, C.M. et al., *J. Virol.* 67; 651-663 (1993), Sanderson, C.M. et al., *J. Virol.* 68; 69-76 (1994))。即ち、本発明者らは、ビリオン形成の場である細胞膜上のリピッドラフト (Lipid Rafts) へM蛋白が効率的に運搬されるためには、F及びHNのCytoplasmic tailとの結合が重要であり、M蛋白は細胞質に存在しながらF及びHNと結合することで、F及びHNの分泌経路に乗った形で細胞膜へ運搬されていると捉えた。

本発明者らは、実際に2次放出粒子、即ちVLP放出抑制を目的とした改変を行う

場合、coreであるM蛋白を欠失させることが最も効果的である可能性が高いと考えた。但し、改変したウィルスを遺伝子治療等の産業上に利用しようとした場合、ウィルスを生産する過程を考慮しなければならず、上記のようにRV (Mebatsion, T. et al., J. Virol. 73; 242-250 (1999)) 及びMeV (Cathomen, T. et al., EMBO J. 17; 3899-3908 (1998)) で既に報告されているシステム、即ちvaccinia virus (VV) でdriveしたT7 polymeraseで発現を誘導するシステムでは高タイトーのウィルスは得られ難く、また発現誘導に利用したVVが、調製したM欠失型ウィルス溶液中へ混入することは避けられないこともあり、実応用可能なウィルスの生産は困難である。

M蛋白の欠失以外に効果的である方法として、M蛋白を細胞膜上のリピッドラフト (Lipid Rafts) へ運搬する役割が考察されているF及びHN蛋白を欠失させるか、あるいはそれらのcytoplasmic tailのみを欠失させる変異を導入することが考えられる。但し、特にSeVの場合はF欠失型 (W000/70070) 或いはHN欠失型 (Stricker, R. and Roux, L., J. Gen. Virol. 72; 1703-1707 (1991)) において多くのVLPが存在することが報告されている。即ち、効果は大きくはないと予想される。現在までの所、spike蛋白に関してcytoplasmic tail以外でVLP形成に影響すると予想される領域は同定されていない。またM蛋白質に関しても同様であり、明確にVLP形成に影響すると予想される領域は同定されていない。更に、産業上の利用の為にはウィルス生産に関して考慮する必要があり、デザインは容易ではない。

本発明者らはまず、VLP放出が抑制されたベクターを構築するための一つの解決法として、ウィルス遺伝子の温度感受性変異の利用を考えた。低温で生育するが高温では増殖できない幾つかの変異型ウィルスが報告されている。本発明者らは、特に高温でのピリオン形成が抑制されるような変異蛋白質、特にM蛋白或いはspike蛋白に変異を有するものを利用すれば、低温で (例えば32℃) ウィルス生産を行い、遺伝子治療等の実応用時はそれよりは高温 (例えば37℃) で行うことにより、VLP形成を抑制できる可能性があると考えた。この目的のために、本発明者ら

はM蛋白質およびHN蛋白質で報告されている、それぞれ3つ、計6つの温度感受性変異を持つ変異MおよびHN蛋白質をコードするF遺伝子欠損型の組み換えセンダイウィルスベクターを構築した。このウィルスのVLP放出を調べたところ、野生型ウィルスに比べ約1/10またはそれ以下であることが判明した。さらに、VLP放出が抑制されたセンダイウィルスベクターを導入した細胞におけるM蛋白質の局在を、抗M抗体を利用した免疫染色により解析した結果、野生型ウィルスを導入した細胞では見られる細胞表面のM蛋白質の凝集が、VLP放出抑制型ウィルスの場合には有意に減少しており、特に高温（38℃）においてM蛋白の濃縮像が極端に減少していた。温度感受性変異M遺伝子を含むこのSeVを感染させた細胞におけるM蛋白質およびHN蛋白質の細胞内局在を共焦点レーザー顕微鏡により詳しく調べたところ、低温（32℃）においても細胞表面でのM蛋白の局在は有意に低下しており、微小管（microtubule）の形態に近い形で観察された。さらに、高温（37℃）ではM蛋白は微小管の中心体付近（すなわちゴルジ体付近）に局在して存在していた。微小管脱重合剤を添加すると、温度感受性M遺伝子を持つSeVのみならず、野生型M遺伝子を持つSeVにおいても、M蛋白質の局在構造が破壊されたことから、M蛋白質は実際に微小管に沿って局在して機能している可能性が高いと判断された。以上の知見から、温度感受性変異導入ウィルスで二次放出粒子が減少しているのは、粒子形成の中心的な役割を担っていると考えられているM蛋白の細胞内局在の不全であると断定された。従って、M蛋白質の正常な細胞内局在を妨げることにより、VLPの形成を効果的に抑制することができると考えられる。また、M蛋白質の機能には微小管との相互作用が重要であり、例えばM蛋白質がゴルジ体から微小管に沿って細胞内移動することを阻害するような遺伝子変異や薬剤を開発することにより、M蛋白の細胞内局在の不具合を生じさせ、結果的に二次放出粒子の減少を達成することが可能と判断される。すなわち本発明者らは、M蛋白質の局在に欠陥を生じさせるような変異を有する（一）鎖RNAウィルスベクターを調製することによって、粒子形成能が低下または消失した組み換え（一）鎖RNAウィルスベクターを得ることができるこ

とを見出した。

例えば、M遺伝子、あるいはF遺伝子およびHN遺伝子といったスパイク蛋白質をコードする遺伝子に変異を加え、これら変異遺伝子を持つウィルスベクターについてM蛋白質の局在に異常を持つベクター、特にM蛋白質の細胞表面の凝集が低下または消失しているものをスクリーニングすることによって、効果的に粒子形成能が低下または消失した組み換えウィルスベクターを得ることが可能となる。これにより、例えばspike蛋白のcytoplasmic tailまたはそれ以外の任意の領域の改変によるVLP産生の抑制を試験することが可能である。さらに、M蛋白への改変も含め、多くの変異型ウィルスをM蛋白の細胞膜への局在の有無でスクリーニングすることもできる。これらの方法は、SeVだけではなく、他の(-)鎖RNAウィルスで共通して適用することが可能である。

さらに本発明者らは、P遺伝子およびL遺伝子に変異を導入することによってウィルスの2次放出を抑制するとともに、細胞傷害性を低下させ、挿入遺伝子をより長期に発現できるF欠損型ベクターを構築した。具体的には、E86KまたはL511Fの置換変異を有するSeV P蛋白質遺伝子、ならびにN1197SおよびK1795Eの置換変異を有するSeV L蛋白質遺伝子を用いた。PおよびL遺伝子の両者に変異を導入することで、これらの遺伝子に変異のないベクターに比べ、細胞にベクターを導入した後における、導入遺伝子を発現する細胞数の減少が有意に抑制され、細胞傷害性およびウィルス様粒子の2次放出も明確に低下した。また本発明者らは、このP蛋白質およびL蛋白質の変異と、上記のM蛋白質およびHN蛋白質の温度感受性変異とを組み合わせ、M、HN、P、およびL蛋白質の4種の蛋白質に変異を有するウィルスを構築した。その結果、この変異組み換えウィルスは細胞傷害性の顕著な減弱が認められた。特にL511のアミノ酸が置換置換されたP蛋白質遺伝子を持つSeVは2次放出粒子が顕著に減少した。

また本発明者らは、M遺伝子をウィルスから欠失させることによって、ウィルスを導入した細胞におけるM蛋白質の細胞表面の凝集が完全に欠如したウィルスの構

築を試みた。この目的のために、本発明者らはM欠失型ウィルスの生産に利用可能なM蛋白持続発現細胞を初めて構築した。この細胞を利用することにより、高タイターで他のウィルスの混入を否定した遺伝子治療用ベクターの生産が初めて可能になった。持続発現細胞を利用したM蛋白質のトランス供給を行う、本発明のM欠失型SeV生産システムにおいて初めて、実用に適したM欠失型の(-)鎖RNAウィルスが提供された。M遺伝子を欠失した感染性ウィルス粒子は産生細胞の培養上清中に 10^7 CIU/ml以上の力価で回収され、このウィルスを導入した細胞では、ウィルス様粒子の2次放出はほとんど抑制され、細胞傷害性も低下した。さらに本発明者らは、M/F両蛋白質を発現するヘルパー細胞を新たに作出し、これを用いてM/F両遺伝子を欠失した感染性ウィルス粒子を初めて回収することに成功した。ウィルスは産生細胞の培養上清中に最大 10^8 CIU/ml以上の力価で回収され、得られたウィルスの2次粒子形成能はほとんど消失していた。またM/F両遺伝子を欠失したウィルスベクターは、それぞれ単独の遺伝子を欠失させた場合に比べ細胞傷害性が顕著に低下していることが確認された。このウィルスベクターは、神経細胞に対してインビボおよびインビトロで効率良く遺伝子を導入できることが示され、非分裂細胞を含む多くの細胞に感染能を有する遺伝子導入ベクターとしての利用が期待される。

本発明は、粒子形成能が低下または消失した(-)鎖RNAウィルスベクターの検査方法および製造方法に関し、より具体的には、

- (1) (-)鎖RNAウィルスベクターの粒子形成能を検査する方法であって、該ベクターを導入した細胞におけるM蛋白質の局在を検出する工程を含む方法、
- (2) 粒子形成能が低下または消失した(-)鎖RNAウィルスベクターをスクリーニングする方法であって、
 - (a) 該ベクターを導入した細胞におけるM蛋白質の局在を検出する工程、
 - (b) 該局在が低下または消失したベクターを選択する工程、を含む方法、
- (3) M蛋白質の局在が、M蛋白質の細胞表面の凝集である、(1) または (2)

に記載の方法、

(4) (一)鎖RNAウィルスベクターの粒子形成能を低下または消失させる遺伝子をスクリーニングする方法であって、

(a) 被検遺伝子を保持する(一)鎖RNAウィルスベクターを導入した細胞におけるM蛋白質の局在を検出する工程、

(b) 該局在を低下または消失させる遺伝子を選択する工程、を含む方法、

(5) M蛋白質の局在が、M蛋白質の細胞表面の凝集である、(4)に記載の方法、

(6) 被検遺伝子が、(一)鎖RNAウィルスのM、F、およびHN遺伝子からなる群より選択される遺伝子の変異体である、(4)または(5)に記載の方法、

(7) 粒子形成能が低下または消失した組み換え(一)鎖RNAウィルスベクターの製造方法であって、(4)から(6)のいずれかに記載の方法により同定または単離され得る遺伝子を保持する(一)鎖RNAウィルスベクターを、該遺伝子によるM蛋白質の局在の低下または消失を持続的に相補する条件下で再構成させる工程、を含む方法、

(8) 粒子形成能が低下または消失した組み換え(一)鎖RNAウィルスベクターの製造方法であって、M遺伝子の欠損または変異により該M遺伝子の発現産物の局在が低下または消失する(一)鎖RNAウィルスベクターを、機能的M蛋白質が持続的に発現する条件下で再構成させる工程、を含む方法、

(9) 前記工程が、細胞表面における遺伝子産物の凝集が低下または消失する温度感受性変異M遺伝子を保持する(一)鎖RNAウィルスベクターを、許容温度で再構成させる工程である、(8)に記載の方法、

(10) 温度感受性変異M遺伝子が、センダイウィルスM蛋白質のG69、T116、およびA183からなる群より選択される少なくとも1つのアミノ酸部位に相当するアミノ酸が他のアミノ酸に置換された(一)鎖RNAウィルスM蛋白質をコードする遺伝子である、(9)に記載の方法、

(11) 前記工程が、M遺伝子が欠損している(−)鎖RNAウィルスベクターを、再構成を行う細胞の染色体に組み込まれたM遺伝子が発現する条件下で再構成させる工程である、(8)に記載の方法、

(12) (−)鎖RNAウィルスベクターが、さらにHNおよび/またはF遺伝子が欠損しているか、または温度感受性変異HNおよび/または温度感受性変異F遺伝子を保持する、(7)から(11)のいずれかに記載の方法、

(13) 温度感受性変異HN遺伝子が、センダイウィルスHN蛋白質のA262、G264、およびK461からなる群より選択される少なくとも1つのアミノ酸部位に相当するアミノ酸が他のアミノ酸に置換された(−)鎖RNAウィルスHN蛋白質をコードする遺伝子である、(12)に記載の方法、

(14) (−)鎖RNAウィルスベクターが、さらにPおよび/またはL遺伝子に変異を保持する、(7)から(13)のいずれかに記載の方法、

(15) P遺伝子の変異が、センダイウィルスP蛋白質のE86および/またはL511に相当する(−)鎖RNAウィルスP蛋白質のアミノ酸部位が他のアミノ酸に置換された変異である、(14)に記載の方法、

(16) L遺伝子の変異が、センダイウィルスL蛋白質のN1197および/またはK1795に相当する(−)鎖RNAウィルスL蛋白質のアミノ酸部位が他のアミノ酸に置換された変異である、(14)または(15)に記載の方法、

(17) ベクターの再構成を35℃以下で行う工程を含む、(7)から(16)のいずれかに記載の方法、

(18) (−)鎖RNAウィルスがパラミクソウィルスである、(1)から(17)のいずれかに記載の方法、

(19) パラミクソウィルスがセンダイウィルスである、(18)に記載の方法、

(20) (7)から(19)のいずれかに記載の方法により製造された、粒子形成能が低下または消失した組み換え(−)鎖RNAウィルスベクター、

(21) 組み換え(-)鎖RNAウィルスであって、機能的M蛋白質を有するが、該ウィルスのゲノムにおいてM蛋白質をコードする配列が欠損しているウィルス、

(22) 下記(a)から(d)からなる群より選択される少なくとも1つの性質を有する組み換え(-)鎖RNAウィルス、

(a) 該ウィルスのゲノムにコードされるM蛋白質において、センダイウィルスM蛋白質のG69、T116、およびA183からなる群より選択される少なくとも1つのアミノ酸部位に相当するアミノ酸が他のアミノ酸に置換されている、

(b) 該ウィルスのゲノムにコードされるHN蛋白質において、センダイウィルスHN蛋白質のA262、G264、およびK461からなる群より選択される少なくとも1つのアミノ酸部位に相当するアミノ酸が他のアミノ酸に置換されている、

(c) 該ウィルスのゲノムにコードされるP蛋白質において、センダイウィルスP蛋白質のE86またはL511のアミノ酸部位に相当するアミノ酸が他のアミノ酸に置換されている、

(d) 該ウィルスのゲノムにコードされるL蛋白質において、センダイウィルスL蛋白質のN1197および/またはK1795のアミノ酸あるいは他の(-)鎖RNAウィルスM蛋白質の相同部位のアミノ酸部位に相当するアミノ酸が他のアミノ酸に置換されている、

(23) 少なくとも(a)および(b)の性質を有する、(22)に記載のウィルス、

(24) 少なくとも(c)および(d)の性質を有する、(22)に記載のウィルス、

(25) (a)から(d)の全ての性質を有する、(22)に記載のウィルス、

(26) 該ウィルスのゲノムにおいてスパイク蛋白質をコードする配列の少なくとも1つをさらに欠損する、(21)から(25)のいずれかに記載のウィルス、

(27) スパイク蛋白質がF蛋白質である、(26)に記載のウィルス、

- (28) (−)鎖RNAウィルスがパラミクソウィルスである、(21)から(27)のいずれかに記載のウィルス、
- (29) パラミクソウィルスがセンダイウィルスである、(28)に記載のウィルス、
- (30) 遺伝子導入における細胞傷害性を減弱させるために用いる、(21)から(29)のいずれかに記載の組み換えウィルス、
- (31) 遺伝子導入における導入遺伝子の発現レベルの低下を抑制するために用いる、(21)から(30)のいずれかに記載の組み換えウィルス、
- (32) 遺伝子導入においてウィルスを導入した細胞からのウィルス様粒子(VLP)の放出を抑制するために用いる、(21)から(31)のいずれかに記載の組み換えウィルス、
- (33) (21)から(32)のいずれかに記載の組み換えウィルスを 10^6 CIU/ml以上で含む水溶液、に関する。

本発明は、(−)鎖RNAウィルスベクターを導入した細胞におけるM蛋白質の局在を検出する工程を含む、該ベクターの粒子形成能を検査する方法を提供する。本発明者らは、ベクター産生細胞におけるM蛋白質の局在が、(−)鎖RNAウィルスベクターの粒子形成能と密接に関連することを実証した。粒子形成が行われる細胞では、M蛋白質は細胞表面に強く検出され、より厳密には細胞表面に凝集して存在している。しかし、粒子形成能が低下したベクターを感染させた細胞では、細胞表面へのM蛋白質の局在は減少し、細胞質中により多く検出されるようになる。さらに粒子形成能が喪失する条件では、M蛋白質は核の近くに濃縮する。この場合、M蛋白質はゴルジ体付近と予想される部位に濃縮しており、微小管が関与するM蛋白質輸送に異常を来していることが示唆される。すなわち、細胞におけるM蛋白質の局在は、ベクターの粒子形成能と相関しており、M蛋白質の局在を検出することによりベクターの粒子形成能を検査することができる、本発明の検査では、ベク

ターを導入した細胞におけるM蛋白質の局在を検出し、M蛋白質の局在を粒子形成能と関連付けることにより行う。すなわち細胞におけるM蛋白質の局在が低下または消失するベクターは粒子形成能が低く、その程度が重篤であるほど粒子形成能が低下する。具体的には、上記のように、M蛋白質の細胞表面における凝集が低下するほど、該ベクターの粒子形成能は低いと判断され、特にM蛋白質の細胞表面における凝集が消失したベクターは、粒子形成能が喪失していると判断される。また、より巨視的には、細胞表面に局在するM蛋白質が減少するほどベクターの粒子形成能は低いと判断され、細胞表面に局在する代わりに細胞質や核周辺にM蛋白質が局在するようなベクターの粒子形成能は低い。特に核付近に濃縮してM蛋白質が局在したり、ゴルジ体領域にM蛋白質が凝縮している場合は、ベクターの粒子形成能はほとんどまたは完全に喪失していると判断される。細胞におけるM蛋白質の局在、特に細胞表面のM蛋白質の凝集が抑制されたベクターを開発することにより、感染細胞からのウィルス様粒子の放出を抑制することができる。

本発明において細胞におけるM蛋白質の局在の低下または消失とは、例えば細胞におけるM蛋白質の局在の欠陥である。すなわち、粒子形成能またはVLP形成能を有するパラミクソウィルス（例えば野生型パラミクソウィルスおよびVLP形成能を有するスパイク蛋白質遺伝子欠損型パラミクソウィルスなど）を感染させた細胞におけるM蛋白質の局在（これをM蛋白質の正常な局在とも言う）が有意に破壊されることである。具体的には細胞におけるM蛋白質の局在の欠陥とは、粒子形成能またはVLP形成能を持つベクターを感染させた細胞におけるM蛋白質の局在の変化または消失である。正常な粒子形成能またはVLP形成能を持つパラミクソウィルスを感染させた細胞では、M蛋白質は細胞表面付近に局在し、より詳細には細胞表面に凝集して存在している。本発明においてこのようなM蛋白質の正常な局在が変化または消失することを、それぞれM蛋白質の局在の低下または消失と言う。本発明においてM蛋白質の局在の欠陥には、例えばM蛋白質が異常な（M蛋白質の正常な局在とは違った）局在を示すことであってよく、例えば細胞表面における凝集の低

下および喪失、細胞表面への発現量の低下、細胞質におけるM蛋白質レベルの上昇、細胞質内での凝縮（例えば核周辺での凝縮）、ならびに細胞全体におけるM蛋白質量の低下および喪失などを、本発明におけるM蛋白質の局在の欠陥として特に挙げることができる。

細胞におけるM蛋白質の局在の検出は、細胞分画による方法、および免疫染色によりM蛋白質の局在を直接検出する方法などで実施することができる。免疫染色では、例えば蛍光標識された抗体を用いてM蛋白質を染色し、共焦点レーザー顕微鏡下で観察することができる。また、細胞を溶解後、公知の細胞分画法により細胞画分を得て、M蛋白質に対する抗体を用いた免疫沈降またはウェスタンブロッティング等によりM蛋白質が含まれる画分を同定することにより局在を調べることができる。粒子形成能を持つベクターを感染させた細胞では、M蛋白質は主に細胞膜に存在する。細胞膜におけるM蛋白質の局在が低下していれば、そのウィルスは、粒子形成が低下していると判断される。本発明の方法においては、特に細胞表面のM蛋白質の凝集を検出することによりM蛋白質の局在を調べることが好ましい。

細胞表面のM蛋白質の凝集を検出するには、細胞分画による方法、および免疫染色により、M蛋白質の細胞内局在を直接検出する方法などが考えられる。ビリオン形成の場となるのは細胞膜上のLipid raftsと呼ばれている場であり、Triton X-100のような非イオン性界面活性剤に不溶性の脂質画分である。M蛋白質はspike蛋白、RNP及びM蛋白自身更には脂質との結合能により、このリピッドラフト（Lipid rafts）でウィルスコンポーネントを凝集すると考えられていることから、リピッドラフト（Lipid rafts）分画後、電気泳動等で検出されるM蛋白は凝集したM蛋白質を反映していると捉えることができる。すなわち、検出されるM蛋白質量が低下していれば、細胞表面のM蛋白質の凝集が低下していると判断される。一方、本発明者らが利用した細胞免疫染色により細胞内局在を検出する方法では、細胞膜上のおそらくはリピッドラフト（Lipid rafts）でのM蛋白の凝集を直接観察することが可能である。この場合、細胞免疫染色に利用可能な抗M抗体の取得が必須と

なる。この方法で検出した場合、M蛋白質が凝集していれば、細胞膜近傍に強い濃縮像が観察され、M蛋白質の凝集がなければ濃縮像はなく細胞膜の輪郭が明確でなくなり、細胞質全体が薄く染色される。このように濃縮像が少ない或いは濃縮像がなく、さらに好ましくは細胞膜の輪郭がぼやけて観察され、細胞質全体が薄く染色された場合に、細胞表面のM蛋白質の凝集が低下していると判断される。M蛋白質の細胞表面における凝集が低下しているこれらのウィルスは、粒子形成が抑制されている。

上記の検出方法を利用することによって、粒子形成能が低下または消失した(ー)鎖RNAウィルスベクターをスクリーニングすることが可能である。このスクリーニング方法は、(a) 該ベクターを導入した細胞におけるM蛋白質の局在を検出する工程、および(b) 該局在が低下または消失した(すなわち正常なM蛋白質の局在が変化した)ベクターを選択する工程、を含む方法である。局在の低下または消失は、上記のようにM蛋白質の正常な局在が有意に破壊されることを言う。また局在の低下または消失には、局在の完全な喪失や、M蛋白質自体が喪失している場合なども含む。局在の低下または消失は、全ての細胞において局在が低下または消失する場合のみならず、一部の細胞において局在が低下または消失する場合、細胞内の一部において局在が低下または消失する場合なども含む。さらに、特定の条件下で局在が低下または消失する場合も含む。例えば、特定の温度以下では野生型と同等の局在が起こるが、その温度より高い温度において野生型よりも局在性が低下または消失する場合などを含む。温度条件については、哺乳動物体内に相当する約37～38℃において野生型ウィルスに比べ局在が低下または消失することが好ましい。例えば種々のウィルス変異株等を細胞に感染させ、この細胞においてM蛋白質の局在を検出する。M蛋白質の局在が低下または消失するウィルス株を選択すれば、粒子形成能が低下または消失したウィルスを単離することができる。

特に本発明のスクリーニングにおいては、M蛋白質の細胞表面の凝集を指標にし

た検出方法を利用することによって、粒子形成能が低下または消失した(一)鎖RNAウィルスベクターをスクリーニングすることが好ましい。このスクリーニング方法は、(a) 該ベクターを導入した細胞におけるM蛋白質の細胞表面の凝集を検出する工程、および(b) 該凝集が低下または消失したベクターを選択する工程、を含む方法である。凝集の低下とは、凝集が有意に低下することを言う。また凝集の低下には、凝集の完全な喪失や、M蛋白質自体が喪失している場合なども含む。凝集の低下または消失は、全ての細胞において凝集が低下または消失する場合のみならず、一部の細胞の細胞表面において凝集が低下または消失する場合、細胞表面の一部において凝集が低下または消失する場合なども含む。さらに、特定の条件下で凝集が低下または消失する場合も含む。例えば、特定の温度以下では野生型と同等の凝集が起こるが、その温度より高い温度において野生型よりも凝集が低下または消失する場合などを含む。温度条件については、哺乳動物体内に相当する約37~38℃において野生型ウィルスよりも凝集が低下または消失することが好ましい。例えば種々のウィルス変異株等を細胞に感染させ、この細胞においてM蛋白質の細胞表面における局在を検出する。M蛋白質の細胞表面における凝集が低下または消失しているウィルス株を選択すれば、粒子形成能が低下または消失したウィルスを単離することができる。

本発明において粒子形成能とは、ウィルスベクターを感染させた細胞において、感染性ウィルス粒子および非感染性ウィルス粒子（これをウィルス様粒子という）を放出（これを2次放出という）するベクターの能力を言う。本発明において粒子形成能の低下および抑制とは、粒子形成能が有意に低下することを言う。また粒子形成能の低下には、粒子形成能が完全に消失する場合を含む。粒子形成能の低下または消失は、ウィルスベクターの平均的な粒子形成能が低下している場合が含まれ、例えば一部の感染細胞において感染したウィルスの粒子形成能が低下または消失する場合、一部の感染ウィルスにおいて粒子形成能が低下または消失する場合なども含む。さらに、特定の条件下で粒子形成能が低下または消失

する場合も含む。例えば、特定の温度以下では野生型と同等の粒子形成が起こるが、その温度より高い温度において野生型よりも粒子形成能が低下または消失する場合などを含む。温度条件については、哺乳動物体内に相当する約37～38℃（例えば37℃）において野生型ウィルスよりも粒子形成能が低下または消失することが好ましい。

ウィルスの粒子形成能の低下は、例えば統計学的に有意（例えば有意水準5%またはそれ以下の%値）に低下している。統計学的な検定は、例えばスチューデントのt検定またはマンホイットニーU検定などにより行うことができる。粒子形成能は、1/2以下、より好ましくは1/5以下、より好ましくは1/10以下、より好ましくは1/30以下、より好ましくは1/50以下、より好ましくは1/100以下、より好ましくは1/300以下、より好ましくは1/500以下に低下している。

また、粒子形成能の消失には、量的または機能的に粒子形成が消失することを含む。粒子形成能の量的な消失は、例えば、VLPが検出限界以下であることを言う。このような場合、VLPは 10^3 /ml以下、好ましくは 10^2 /ml以下、より好ましくは 10^1 /ml以下である。粒子形成能の機能的な消失は、例えばVLPが含まれる可能性のある試料を細胞にトランスフェクションしても検出可能な感染価を示さないことを言う。ウィルス粒子は、電子顕微鏡等で直接確認することができる。あるいは、ウィルスに含まれる核酸または蛋白質を指標に検出および定量することが可能である。例えば、ウィルス粒子中に含まれるゲノム核酸をPCR等の一般的な核酸検出法で検出および定量してもよい。あるいは、外来遺伝子を持つウィルス粒子は、これを細胞に感染させ該遺伝子の発現を検出することにより定量することができる。感染性を持たないウィルス粒子（VLP等）は、トランスフェクション試薬と組み合わせて細胞に導入し、遺伝子発現を検出することにより定量することができる。具体的には、例えばDOSPER Liposomal Transfection Reagent (Roche, Basel, Switzerland; Cat No. 1811169) などのリポフェクション試薬を用いて行うことができる。ウィルス粒子を含むあるいは含まない溶液 100 μ l に DOSPER 12.5 μ l

を混合し、室温で10分放置後、6 wellプレートにコンフルエントに培養した細胞に15分毎に振盪しながらトランスフェクションする。2日後に感染細胞の有無を検出することでVLPの検出が可能である。ウィルス粒子または感染価は、また、例えばCIU測定または赤血球凝集活性(HA)の測定することにより決定することができる(Kato, A. et al., 1996, Genes Cells 1: 569-579; Yonemitsu, Y. & Kaneda, Y., Hemagglutinating virus of Japan-liposome-mediated gene delivery to vascular cells. Ed. by Baker AH. Molecular Biology of Vascular Diseases. Method in Molecular Medicine: Humana Press: pp. 295-306, 1999)。トランスフェクションは、例えばリポフェクション試薬を用いて行うことができる。トランスフェクションは、例えばDOSPER Liposomal Transfection Reagent (Roche, Basel, Switzerland; Cat No. 1811169)を用いて行うことができる。VLPを含むあるいは含まない溶液 100 μ l にDOSPER 12.5 μ l を混合し、室温で10分放置後、6 wellプレートにコンフルエントに培養した細胞に15分毎に振盪しながらトランスフェクションする。2日後に感染細胞の有無を検出することでVLPの検出が可能である。

スクリーニングに用いる被検ウィルスは、天然に存在する変異株などであってもよく、あるいは人為的に作出した変異体であってもよい。スクリーニングにより選択されたウィルスは、粒子形成能が低下または消失した(-)鎖RNAウィルスベクターとして用いることができる。

また、上記の検出方法を利用することによって、(-)鎖RNAウィルスベクターの粒子形成能を低下または消失させる遺伝子をスクリーニングすることが可能である。このスクリーニング方法は、(a) 被検遺伝子を保持する(-)鎖RNAウィルスベクターを導入した細胞におけるM蛋白質の局在を検出する工程、および(b) 該局在を低下または消失させる遺伝子を選択する工程、を含む。局在の低下または消失は、上記したように検出すればよい。例えば、局在として細胞表面におけるM蛋白質の凝集を指標とするスクリーニング方法は、(a) 被検遺伝子を保持する(

一)鎖RNAウィルスベクターを導入した細胞におけるM蛋白質の細胞表面の凝集を検出する工程、および(b)該凝集を低下または消失させる遺伝子を選択する工程、を含む。例えば種々のウィルス遺伝子変異体やその他の遺伝子を挿入したウィルスベクターを作製し、これを細胞に感染させ、この細胞において感染させたウィルスから発現されるM蛋白質の細胞表面における局在を検出する。M蛋白質の細胞表面における凝集が低下または消失しているウィルスベクターが保持する遺伝子を選択すれば、粒子形成能を低下または消失させる遺伝子を単離することができる。スクリーニングに用いる被検遺伝子に特に制限はなく、ウィルスや細胞に由来する遺伝子、あるいは天然に存在するまたは人為的に作出したそれらの変異遺伝子などであってよい。好適には、被検遺伝子として(一)鎖RNAウィルスのM、F、およびHN遺伝子からなる群より選択される遺伝子の変異体を用いる。また、これらと同等の機能を有する遺伝子として、(一)鎖RNAウィルスの中で、M遺伝子はM1、FおよびHN遺伝子はそれぞれGおよびHを表記される場合もある。本発明においてM遺伝子にはM1遺伝子が、FおよびHN遺伝子にはそれぞれGおよびH遺伝子が含まれる。変異体とは、例えば野生型遺伝子産物に対して1つまたは複数のアミノ酸の置換、欠失、付加、および/または挿入などを有する蛋白質をコードする遺伝子などである。被検遺伝子として変異M遺伝子を用いる場合には、工程(a)において被検変異M遺伝子を保持する(一)鎖RNAウィルスベクターを導入した細胞における該変異M遺伝子の発現産物の局在を検出する。被検遺伝子として変異Fおよび/またはHN遺伝子を用いる場合には、工程(a)において被検変異変異Fおよび/またはHN遺伝子を保持する(一)鎖RNAウィルスベクターを導入した細胞において、該ベクターから発現されるM蛋白質の局在を検出する。細胞におけるM蛋白質の局在を検出し、M蛋白質の局在を低下または消失させる遺伝子を選択する。例えば、M蛋白質の局在として細胞表面の凝集を指標とする場合には、細胞表面のM蛋白質の凝集を検出し、M蛋白質の凝集が低下または消失するような遺伝子を選択する。また、被検遺伝子として、例えばM、F、またはHN蛋白質等のウィルス遺伝子産物に相

相互作用し得る蛋白質をコードする他の遺伝子を用いて、同様のスクリーニングを行うこともできる。得られた遺伝子は、粒子形成能が低下または消失した(一)鎖RNAウィルスベクターを製造するために用いることができる。

ここで「細胞におけるM蛋白質の局在を低下または消失させる遺伝子」とは、該遺伝子に依存してM蛋白質の細胞における局在を低下または消失させる（すなわちM蛋白質の正常な局在を変化させる）遺伝子を言う。例えば該遺伝子を発現させた場合にM蛋白質の局在に欠陥が生じる場合、および該遺伝子を発現させ、さらにその他の環境を変化させる（例えば、pH、塩濃度、温度、化合物の添加、他の遺伝子の共発現など）ことにより、M蛋白質の局在が低下または消失する場合などが含まれる。

また、このスクリーニングを利用すれば、上記の粒子形成能が低下または消失した(一)鎖RNAウィルスベクターのスクリーニングにおいて単離されたウィルスから、粒子形成能の低下または消失に関与する遺伝子を特定することもできる。すなわち、単離されたウィルスが持つ遺伝子を被検遺伝子として用いて上記の粒子形成能を低下または消失させる遺伝子のスクリーニングを行う。得られた遺伝子は、粒子形成能が低下または消失した組み換えウィルスの製造に用いられ得る。

上記で単離された遺伝子を用いて粒子形成能が低下または消失した(一)鎖RNAウィルスベクターを製造する場合、本発明者らは、該遺伝子を保持する(一)鎖RNAウィルスベクターを、該遺伝子によるM蛋白質の局在の低下または消失、例えばM蛋白質の細胞表面の凝集の低下または消失を、持続的に相補する条件下で再構成させる工程、を含む方法により効率的に製造できることを見出した。本発明の方法により製造された、粒子形成能が低下または消失した組み換え(一)鎖RNAウィルスベクターは、標的細胞導入後にウィルス様粒子を放出しないという利点がある。

「持続的に相補する条件」とは、(一)鎖RNAウィルスベクターを再構成させるのに十分な時間相補する条件を言う。通常、少なくとも2日間、好ましくは4日間以上、より好ましくは7日間以上、さらに好ましくは10日間以上、最も好ましくは14

日間以上、細胞におけるM蛋白質の局在の低下または消失、例えばM蛋白質の細胞表面の凝集の低下または消失を持続的に相補する条件を言う。

例えば、ある条件下で細胞表面の凝集が低下する変異を有するM遺伝子を有するベクターを製造するには、細胞表面の凝集の低下を抑制する条件を持続的に維持してウィルスの再構成を行う。例えば、変異形質が現れない条件下で再構成を行ってもよいし、あるいは細胞において野生型M遺伝子を持続的に発現させ、M変異を相補してもよい。また、例えば、M遺伝子を欠損するベクターを製造する場合においても、野生型M遺伝子を細胞で持続的に発現させて再構成を行う。

本発明において、ウィルスベクターの再構成を低温で行うと、M蛋白質の正常な局在の低下または消失が抑制され、ウィルス再構成の効率が有意に上昇することが判明した。特に粒子形成能が低下する変異遺伝子（または遺伝子欠失）を有するベクターの再構成においては、37℃および38℃での再構成の効率は低く、細胞傷害性も観察され、35℃以下好ましくは32℃において初めて効率的な再構成が可能となった。従って、本発明におけるウィルスベクターの再構成にあたっては、温度を35℃以下で行うことが好ましい。ウィルス再構成は、より好ましくは34℃以下、さらに好ましくは33℃以下、最も好ましくは32℃またはそれ以下で行う。

特に本発明は、このような方法の1つとしてM遺伝子が欠損または変異した(一)鎖RNAウィルスベクターを再構成する方法を提供する。すなわち本発明は、粒子形成能が低下または消失した組み換え(一)鎖RNAウィルスベクターの製造方法であって、M遺伝子の欠損または変異によりM蛋白質の局在が低下または消失する(一)鎖RNAウィルスベクター、具体的には例えばM蛋白質の細胞表面の凝集が低下または消失する(一)鎖RNAウィルスベクターを、機能的M蛋白質が持続的に発現する条件下で再構成させる工程、を含む方法に関する。「機能的M蛋白質」とは、野生型M蛋白質またはそれと同等の機能を有する蛋白質を言う。具体的には、細胞表面の凝集を起こし、(一)鎖RNAウィルスベクターの粒子形成を支持する活性を有する蛋白質を言う。

この方法の特に好ましい一態様としては、細胞における遺伝子産物の局在が低下または消失する温度感受性変異M遺伝子を保持する(-)鎖RNAウィルスベクターを、許容温度で再構成させる工程を含む方法が挙げられる。温度感受性変異とは、低温（例えば32℃）に比べ、高温（例えば37℃）において有意に活性が低下する変異を言う。具体的には、例えば細胞表面における遺伝子産物の凝集が低下または消失する温度感受性変異M遺伝子を保持する(-)鎖RNAウィルスベクターを、許容温度で再構成させる工程を含む方法である。M遺伝子の温度感受性変異としては特に限定されるものではないが、例えばセンダイウィルスのM蛋白質のG69、T116、およびA183からなる群より選択される少なくとも1つ、好ましくは任意に選択される2つ、さらに好ましくは3つすべてのアミノ酸部位、あるいは他の(-)鎖RNAウィルスM蛋白質のそれらと相同な部位に変異を含むものを好適に用いることができる。ここでG69とはM蛋白質の69番目のアミノ酸Gly、T116とはM蛋白質の116番目のアミノ酸Thr、A183とはM蛋白質の183番目のアミノ酸Alaを指す。

M蛋白質をコードする遺伝子（M遺伝子）は、(-)鎖RNAウィルスで広く保存されており、ウィルスのヌクレオカプシッドとエンベロープの両者に相互作用する機能を有することが知られている（Garoff, H. et al., Microbiol. Mol. Biol. Rev. 62:117-190 (1998); ）。また、SeV M蛋白質においてamphiphilic α -helixと予想されている104-119（104-KACTDLRITVRRTVRA-119／配列番号：38）は粒子形成に重要な領域として同定されている（Genevieve Mottet, et al., J. Gen. Virol. 80:2977-2986 (1999)）が、当該領域は(-)鎖RNAウィルス間で良く保存されている。M蛋白質のアミノ酸配列は(-)鎖RNAウィルスで類似しており、特にパラミクソウィルス亜科においては既知のM蛋白質は共通して全長約330～380アミノ酸からなる塩基性蛋白質であり、全領域にわたって類似性があるが、特にC端側半分での類似性が高い（Gould, A. R. Virus Res. 43:17-31 (1996)、Harcourt, B.H. et al., Virology 271:334-349 (2000)）。従って、例えば SeV M蛋白質のG69、T116、及びA183と相同なアミノ酸は容易に同定することが可能である。

SeV M蛋白質のG69、T116、及びA183と対応する他の(一)鎖RNAウィルスM蛋白質の相同な部位のアミノ酸は、当業者であれば、例えばBLASTなどのアミノ酸配列のホモロジー検索プログラム（アライメント作成機能を持つもの）またはCLUSTAL Wなどのアライメント作成プログラムを用いてSeV M蛋白質のアミノ酸と整列化することにより同定することができる。例えばSeV M蛋白質のG69に相当する各M蛋白質の相同部位としては、human parainfluenza virus-1 (HPIV-1)（括弧は略称）であればG69、human parainfluenza virus-3 (HPIV-3) であればG73、phocine distemper virus (PDV)およびcanine distemper virus (CDV)であればG70、dolphin morbillivirus (DMV)であればG71、peste-des-petits-ruminants virus (PDPR)、measles virus (MV)、およびrinderpest virus (RPV)であればG70、Hendra virus (Hendra)およびNipah virus (Nipah)であればG81、human parainfluenza virus-2 (HPIV-2)であればG70、human parainfluenza virus-4a (HPIV-4a)およびhuman parainfluenza virus-4b (HPIV-4b)であればE47、mumps virus (Mumps)であればE72が挙げられる（文字と番号はアミノ酸とその位置を表す）。また、SeV M蛋白質のT116に相当する各M蛋白質の相同部位としては、human parainfluenza virus-1 (HPIV-1)であればT116、human parainfluenza virus-3 (HPIV-3)であればT120、phocine distemper virus (PDV)およびcanine distemper virus (CDV)であればT104、dolphin morbillivirus (DMV)であればT105、peste-des-petits-ruminants virus (PDPR)、measles virus (MV)およびrinderpest virus (RPV)であればT104、Hendra virus (Hendra)およびNipah virus (Nipah)であればT120、human parainfluenza virus-2 (HPIV-2)およびsimian parainfluenza virus 5 (SV5)であればT117、human parainfluenza virus-4a (HPIV-4a)およびhuman parainfluenza virus-4b (HPIV-4b)であればT121、mumps virus (Mumps)であればT119、Newcastle disease virus (NDV)であればS120が挙げられる。SeV M蛋白質のA183に相当する各M蛋白質の相同部位としては、human parainfluenza virus-1 (HPIV-1)であればA183、human parainfluenza virus-3 (HPIV-3)であればF187、phocine distemper vir

us (PDV)およびcanine distemper virus (CDV)であればY171、dolphin morbillivirus (DMV)であればY172、peste-des-petits-ruminants virus (PDPR)、measles virus (MV)およびrinderpest virus (RPV)であればY171、Hendra virus (Hendra)およびNipah virus (Nipah)であればY187、human parainfluenza virus-2 (HPIV-2)であればY184、simian parainfluenza virus 5 (SV5)であればF184、human parainfluenza virus-4a (HPIV-4a)およびhuman parainfluenza virus-4b (HPIV-4b)であればF188、mumps virus (Mumps)であればF186、Newcastle disease virus (NDV)であればY187が挙げられる。ここに挙げたウィルスにおいて、それぞれのM蛋白質に上記の3つの部位のいずれか、好ましくは任意の2部位の組み合わせ、さらに好ましくは3つの部位全てのアミノ酸が他のアミノ酸に置換された変異M蛋白質をコードするゲノムを有するウィルスは、本発明において好適できる。

アミノ酸変異は、所望の他のアミノ酸への置換であってよいが、好ましくは、側鎖の化学的性質の異なるアミノ酸への置換である。例えばアミノ酸は、塩基性アミノ酸（例えばリジン、アルギニン、ヒスチジン）、酸性アミノ酸（例えばアスパラギン酸、グルタミン酸）、非荷電極性アミノ酸（例えばグリシン、アスパラギン、グルタミン、セリン、スレオニン、チロシン、システイン）、非極性アミノ酸（例えばアラニン、バリン、ロイシン、イソロイシン、プロリン、フェニルアラニン、メチオニン、トリプトファン）、 β 分岐アミノ酸（例えばスレオニン、バリン、イソロイシン）、および芳香族アミノ酸（例えばチロシン、フェニルアラニン、トリプトファン、ヒスチジン）などのグループに分類することができるが、あるアミノ酸について、そのアミノ酸が属するグループのアミノ酸以外のアミノ酸に置換することなどが挙げられる。具体的には、塩基性アミノ酸であれば、酸性または中性アミノ酸への置換、極性アミノ酸であれば非極性アミノ酸への置換、20種の天然のアミノ酸の平均分子量より大きい分子量を持つアミノ酸であれば、その平均分子量より小さいアミノ酸への置換、逆にその平均分子量より小さいアミノ酸であれば、それより大きいアミノ酸への置換などが挙げられる。

が、それに限定されない。例えばセンダイウィルスM蛋白質における G69E、T116A、およびA183Sからなる群より選択される変異あるいはそれらと相同な変異を含むものを好適に用いることができる。ここでG69Eとは、M蛋白質の69番目のアミノ酸GlyがGluに置換された変異、T116Aとは、M蛋白質の116番目のアミノ酸ThrがAlaに置換された変異、A183Sとは、M蛋白質の183番目のアミノ酸AlaがSerに置換された変異を言う。すなわち、センダイウィルス M蛋白質のG69、T116、およびA183あるいは他のウィルスM蛋白質の相同部位を、それぞれGlu (E)、Ala (A)、およびSer (S) へ置換することができる。これらの変異は組み合わせて有していることが好ましく、特に上記3変異の全てを保持していることがより好ましい。M遺伝子への変異の導入は、公知の変異導入方法に従って実施することができる。例えば実施例に記載のように目的の変異を入れたオリゴヌクレオチドを用いて導入することが可能である。

また、例えば麻疹ウィルスにおいては、M蛋白のモノクローナル抗体に対するエпитープが変化している温度感受性株のP253-505 (Morikawa, Y. et al., *Kitasato Arch. Exp. Med.*, 64; 15-30 (1991)) のM遺伝子配列を導入することが想定される。また、SeV M蛋白質の116番目のThrに対応する麻疹ウィルスM蛋白質の104番目のThr、またはムンプスウィルスのM蛋白質の119番目のThrを他のアミノ酸（例えばAla）に置換してもよい。

また、上記本発明の方法の特に好ましい他の1つの態様としては、M遺伝子が欠損している(一)鎖RNAウィルスベクターを、再構成を行う細胞の染色体に組み込まれたM遺伝子が発現する条件下で再構成させる工程を含む方法が挙げられる。M遺伝子が欠損するとは、機能的M蛋白質をコードする配列が欠損していることをいい、機能欠失型の変異を有するM遺伝子を持つ場合およびM遺伝子を欠失する場合を含む。M遺伝子の機能欠失型変異は、例えばM遺伝子の蛋白質コード配列を欠失させたり、他の配列を挿入することにより作製することができる。例えば、M蛋白質コード配列の途中で停止コドン进行設計することができる (W000/09700)。M遺伝子

欠損型のベクターは、最も好ましくはM蛋白質のコード配列を完全に欠失している。M蛋白質のORFを欠失したベクターは、温度感受性変異M蛋白質をコードするベクターとは違い、任意の条件においてウィルス粒子を形成する能力を失っている。本発明において、ベクター再構成に用いる宿主細胞の染色体にM遺伝子を組み込み、これを発現させて持続的にM蛋白質を供給することによって、効率的な組み換えウィルス産生が可能となることを見出された。M遺伝子が染色体に組み込まれた細胞は、例えば実施例に記載の方法により得ることができる。M遺伝子は恒常的に発現していてもよいし、ウィルス再構成時に誘導的に発現させてもよい。また、驚くべきことに、野生型M蛋白質の存在下で再構成を行う場合においても、再構成を低温で行うことによりベクター産生の効率が顕著に上昇することが判明した。従って、ベクターの再構成は低温、すなわち35℃以下、より好ましくは34℃以下、さらに好ましくは33℃以下、最も好ましくは32℃またはそれ以下で行うことが好ましい。

M遺伝子の欠損または変異によりM蛋白質の局在が低下または消失する(－)鎖RNAウィルスベクターを、機能的M蛋白質が持続的に発現する条件下で再構成させる工程、を含む粒子形成能が低下または消失した組み換え(－)鎖RNAウィルスベクターの製造方法においては、さらに(－)鎖RNAウィルスベクターがHNおよび／またはF遺伝子が欠損しているか、または温度感受性変異HNおよび／またはF遺伝子を保持することが好ましい。特に、M遺伝子の欠損または変異に加えてHN遺伝子に温度感受性変異を有するベクターは、非許容温度における粒子形成能が極めて低くなることが判明した。HN遺伝子の温度感受性変異としては特に限定されるものではないが、例えばセンダイウィルスのHN蛋白質のA262、G264、およびK461からなる群より選択される少なくとも1つ、好ましくは任意に選択される2つ、さらに好ましくは3つすべてのアミノ酸部位、あるいは他の(－)鎖RNAウィルスM蛋白質のそれらと相同な部位に変異を含むものを好適に用いることができる。ここでA262とはHN蛋白質の262番目のアミノ酸Ala、G264とはHN蛋白質の264番目のアミノ酸Gly、K4

61とはHN蛋白質の461番目のアミノ酸Lysを指す。アミノ酸変異は、所望の他のアミノ酸への置換であってよいが、好ましくは、上記のM蛋白質の変異と同様、側鎖の化学的性質の異なるアミノ酸への置換である。例えば、上記したように異なるグループのアミノ酸に置換することなどが挙げられる。具体的には、例えばセンダイウィルスHN蛋白質における A262T、G264R、およびK461Gからなる群より選択される変異あるいはそれらと相同な変異を含むものを好適に用いることができる。ここでA262Tとは、HN蛋白質の262番目のアミノ酸AlaがThrに置換された変異、G264Rとは、HN蛋白質の264番目のアミノ酸GlyがArgに置換された変異、K461Gとは、HN蛋白質の461番目のアミノ酸LysがGlyに置換された変異を言う。すなわち、センダイウィルス HN蛋白質のA262、G264、およびK461あるいは他のウィルスHN蛋白質の相同部位を、それぞれThr (T)、Arg (R)、およびGly (G) へ置換することができる。これらの変異は組み合わせて有していることが好ましく、特にこれらの3つの変異の全てを保持していることがより好ましい。

また、例えば、ムンプスウィルスにおいては、温度感受性の性質を示しワクチンとして使用されているUrabe AM9株 (Wright, K. E. et al., Virus Res., 67; 49-57 (2000)) を参考に、HN蛋白の464及び468番目のアミノ酸に変異導入することは本発明において好ましい。これと相同な位置のアミノ酸の変異は、他の(-)鎖RNAウィルスにも適用することができる。

特に、温度感受性M遺伝子を保持する(-)鎖RNAウィルスベクターにおいては、F遺伝子を欠損していることが好ましい。また、温度感受性M遺伝子を保持するF遺伝子欠損型ベクターは、さらにHN遺伝子に温度感受性変異を有することがより好ましい。本発明において、温度感受性Mおよび温度感受性HN遺伝子を保持するF遺伝子欠失型(-)鎖RNAウィルスベクターは、F蛋白質発現ヘルパー細胞を用いて許容温度でウィルスベクターを再構成させることにより、高力価のベクターを製造することが可能であり、製造されたベクターは、ウィルス様粒子の放出が有意に減少していることが実証された。なお、本発明において遺伝子の「欠損」とは、

該遺伝子の機能的な遺伝子産物（蛋白質をコードする遺伝子であれば蛋白質）が実質的に発現されないことを言う。対象遺伝子に関してnullの表現型を示す場合は、該遺伝子を欠損していることに含まれる。遺伝子欠損には、遺伝子が欠失していること、転写開始配列等の変異により当該遺伝子が転写されないこと、フレームシフトまたはコドンの変異等により機能的蛋白質が産生されないこと、アミノ酸変異等により発現される蛋白質の活性が実質的に失われる〔または非常に（例えば1/10以下に）低下する〕こと、および蛋白質への翻訳が起こらない〔または非常に（例えば1/10以下に）低下する〕ことなどが含まれる。

また本発明は、(-)鎖RNAウィルスのP遺伝子またはL遺伝子に持続感染を促進する変異を有する組み換えウィルスに関する。このような変異としては、具体的には、SeV P蛋白質の86番目のGlu (E86) の変異、SeV P蛋白質の511番目のLeu (L511) の他のアミノ酸への置換、または他の(-)鎖RNAウィルスP蛋白質の相同部位の置換が挙げられる。アミノ酸変異は、所望の他のアミノ酸への置換であってよいが、好ましくは、上記と同様、側鎖の化学的性質の異なるアミノ酸への置換である。例えば、上記したように異なるグループのアミノ酸に置換することなどが挙げられる。具体的には、E86のLysへの置換 (E86K) 、L511のPheへの置換 (L511F) などが例示できる。またL蛋白質においては、1197番目のAsn (N1197) および/または1795番目のLys (K1795) の他のアミノ酸への置換、または他の(-)鎖RNAウィルスL蛋白質の相同部位の置換が挙げられる。L蛋白質のこれら2つの変異の両方を有するL蛋白質遺伝子は特に好ましい。アミノ酸変異は、やはり所望の他のアミノ酸への置換であってよいが、好ましくは、上記と同様、側鎖の化学的性質の異なるアミノ酸への置換である。例えば、上記したように異なるグループのアミノ酸に置換することなどが挙げられる。具体的には、N1197のSerへの置換 (N1197S) 、K1795のGluへの置換 (K1795E) などが例示できる。P遺伝子とL遺伝子の変異は、両方持っていることで、持続感染性、2次粒子放出の抑制、または細胞傷害性の抑制の効果を顕著に高めることができる。さらに、上記のHN蛋白質および/また

はM蛋白質の温度感受性変異遺伝子を組み合わせることで、これらの効果を劇的に上昇させることができる。Mおよび/またはHN遺伝子に温度感受性変異の少なくとも1つを、そしてPおよび/またはL遺伝子に持続感染型の変異の少なくとも1つを有する組み換え(-)鎖RNAウィルスが好ましく、特にM、HN、P、およびL遺伝子の4遺伝子の全てに変異を有するウィルスがより好ましい。特にMおよびHN遺伝子のそれぞれに上記の3箇所のアミノ酸 (SeVにおいてはMのG69、T116、およびA183、HNのA262、G264、およびK461) に変異を、かつP遺伝子に上記の2箇所の変異 (SeVにおいてはE86またはL511) のうち少なくともどちらかを、さらにL遺伝子に上記の2箇所の変異 (SeVにおいてはN1197およびK1795) を持つウィルスは最も好ましい。また、これらのP遺伝子および/またはL遺伝子に変異を有する組み換えウィルスは、(-)鎖RNAウィルスのスパイク蛋白質遺伝子、例えばF遺伝子を欠損することが好ましい。F遺伝子を欠失させ、F蛋白質を発現するFヘルパー細胞を用いてウィルスを製造することによって、標的細胞に感染後に増殖せず、2次粒子形成が劇的に抑制され、細胞傷害性が低下したウィルスベクターを得ることが可能である。このベクターは、野生型のPまたはL遺伝子を持つベクターに比べ、導入遺伝子をより長期間にわたって発現できる。これら本発明のウィルスは、遺伝子導入における細胞傷害性を減弱させるために、また遺伝子導入における導入遺伝子の発現レベルの低下を抑制するために、また遺伝子導入においてウィルスを導入した細胞からのウィルス粒子およびウィルス様粒子 (VLP) の放出を抑制するために有用である。

本発明は、本明細書に記載した、ウィルス遺伝子 (例えばM、HN、P、またはL遺伝子あるいはそれらの組み合わせ) に変異または欠損を有するウィルスを細胞に導入する工程を含む、遺伝子導入における細胞傷害性を減弱させる方法を提供する。また本発明は、該ウィルスを細胞に導入する工程を含む、遺伝子導入における導入遺伝子の発現レベルの低下を抑制する方法を提供する。さらに本発明は、該ウィルスを細胞に導入する工程を含む、遺伝子導入においてウィルスを導入し

た細胞からのウィルス様粒子（VLP）の放出を抑制する方法を提供する。細胞傷害性は、例えば実施例に記載したようなLDHの放出を定量することにより測定することができる。また導入遺伝子の発現レベルは、導入遺伝子断片をプローブまたはプライマーに用いたノーザンハイブリダイゼーションまたはRT-PCR、または導入遺伝子産物に対する抗体を用いた免疫沈降またはウェスタンブロット解析、あるいは導入遺伝子産物の活性の測定などにより決定することができる。ウィルス様粒子（VLP）の放出は、例えば実施例に示したHA活性の測定で知ることができるほか、細胞外液を回収し、細胞へのトランスフェクションしてVLPに含まれる遺伝子を発現を測定することにより、溶液中に含まれるウィルス様粒子を定量することができる。細胞傷害性の減弱、導入遺伝子の発現レベルの低下、およびウィルス様粒子（VLP）の放出の抑制は、当該変異または欠損がないウィルスと比べて、例えば統計学的に有意（例えば有意水準5%またはそれ以下の%値）に低下（または抑制）していることが好ましい。統計学的な検定は、例えばスチューデントのt検定またはマンホイットニーU検定などにより行うことができる。好ましくは、該抑制または低下は元のウィルスに比べ90%以下、好ましくは80%以下、より好ましくは70%以下、または60%以下に抑制または低下されているものであり、より好ましくは1/2以下、さらに好ましくは1/3以下、1/5以下、または1/8以下に抑制または低下している。

また本発明は、本明細書に記載したウィルス遺伝子に変異または欠損を有するウィルスの、遺伝子導入における細胞傷害性を減弱させるための使用、遺伝子導入における導入遺伝子の発現レベルの低下を抑制するための使用、および遺伝子導入においてウィルスを導入した細胞からのウィルス様粒子（VLP）の放出を抑制するための使用を提供する。これらのウィルスは、遺伝子導入における細胞傷害性を減弱させるために用いるウィルス、遺伝子導入における導入遺伝子の発現レベルの低下を抑制するために用いるウィルス、または遺伝子導入においてウィルスを導入した細胞からのウィルス様粒子（VLP）の放出を抑制するために用いるウ

ィルスとなる。

本発明において、(一)鎖RNAウィルスとは、(一)鎖をゲノムに持つRNAウィルスと言う。本発明において(一)鎖RNAウィルスは、好ましくは非分節型(一)鎖RNAウィルス、すなわち(一)鎖をゲノムに持つ一本鎖RNAウィルスである。(一)鎖RNAウィルスとしては、例えばパラミクソウィルス科(Paramyxoviridae)のセンダイウィルス(Sendai virus)、ニューカッスル病ウィルス(Newcastle disease virus)、おたふくかぜウィルス(Mumps virus)、麻疹ウィルス(Measles virus)、RSウィルス(Respiratory syncytial virus)、牛痘ウィルス(rinderpest virus)、ジステンパーウィルス(distemper virus)、オルトミクソウィルス科(Orthomyxoviridae)のインフルエンザウィルス(Influenza virus)、ラブドウィルス科(rhabdoviridae)の水疱性口内炎ウィルス(Vesicular stomatitis virus)、狂犬病ウィルス(Rabies virus)等が挙げられる。本発明において、(一)鎖RNAウィルスベクターは、より好ましくは非分節型の(一)鎖RNAウィルスであり、さらに好ましくはパラミクソウィルスである。

本発明において特に好ましい(一)鎖RNAウィルスには、例えば Sendai virus (SeV)、human parainfluenza virus-1 (HPIV-1)、human parainfluenza virus-3 (HPIV-3)、phocine distemper virus (PDV)、canine distemper virus (CDV)、dolphin morbillivirus (DMV)、peste-des-petits-ruminants virus (PDPR)、measles virus (MV)、rinderpest virus (RPV)、Hendra virus (Hendra)、Nipah virus (Nipah)、human parainfluenza virus-2 (HPIV-2)、simian parainfluenza virus 5 (SV5)、human parainfluenza virus-4a (HPIV-4a)、human parainfluenza virus-4b (HPIV-4b)、mumps virus (Mumps)、およびNewcastle disease virus (NDV)などが含まれる。より好ましくは、Sendai virus (SeV)、human parainfluenza virus-1 (HPIV-1)、human parainfluenza virus-3 (HPIV-3)、phocine distemper virus (PDV)、canine distemper virus (CDV)、dolphin morbillivirus (DMV)、peste-des-petits-ruminants virus (PDPR)、measles virus (MV)、rinderpes

t virus (RPV)、Hendra virus (Hendra)、および Nipah virus (Nipah) からなる群より選択されるウィルスが例示できる。

これらのウィルスがコードするウィルス遺伝子は知られている。アクセッション番号を例示すれば、N遺伝子については、CDV, AF014953; DMV, X75961; HPIV-1, D01070; HPIV-2, M55320; HPIV-3, D10025; Mapuera, X85128; Mumps, D86172; MV, K01711; NDV, AF064091; PDPR, X74443; PDV, X75717; RPV, X68311; SeV, X00087; SV5, M81442; および Tupaia, AF079780、P遺伝子については、CDV, X51869; DMV, Z47758; HPIV-1, M74081; HPIV-3, X04721; HPIV-4a, M55975; HPIV-4b, M55976; Mumps, D86173; MV, M89920; NDV, M20302; PDV, X75960; RPV, X68311; SeV, M30202; SV5, AF052755; および Tupaia, AF079780、C遺伝子については CDV, AF014953; DMV, Z47758; HPIV-1, M74081; HPIV-3, D00047; MV, AB016162; RPV, X68311; SeV, AB005796; および Tupaia, AF079780、M遺伝子については CDV, M12669; DMV Z30087; HPIV-1, S38067; HPIV-2, M62734; HPIV-3, D00130; HPIV-4a, D10241; HPIV-4b, D10242; Mumps, D86171; MV, AB012948; NDV, AF089819; PDPR, Z47977; PDV, X75717; RPV, M34018; SeV, U31956; および SV5, M32248、F遺伝子については CDV, M21849; DMV, AJ224704; HPN-1, M22347; HPIV-2, M60182; HPIV-3, X05303, HPIV-4a, D49821; HPIV-4b, D49822; Mumps, D86169; MV, AB003178; NDV, AF048763; PDPR, Z37017; PDV, AJ224706; RPV, M21514; SeV, D17334; および SV5, AB021962、HN (HまたはG) 遺伝子については CDV, AF112189; DMV, AJ224705; HPIV-1, U709498; HPIV-2, D000865; HPIV-3, AB012132; HPIV-4A, M34033; HPIV-4B, AB006954; Mumps, X99040; MV, K01711; NDV, AF204872; PDPR, Z81358; PDV, Z36979; RPV, AF132934; SeV, U06433; および SV-5, S76876 が例示できる。但し、各ウィルスは複数の株が知られており、株の違いにより上記に例示した以外の配列からなる遺伝子も存在する。

本発明においてパラミクソウィルスとはパラミクソウィルス科 (*Paramyxoviridae*) に属するウィルスまたはその誘導体を指す。パラミクソウィルスは、非分節

型ネガティブ鎖RNAをゲノムに持つウィルスのグループの1つで、パラミクソウィルス亜科 (Paramyxovirinae) (レスピロウィルス属 (パラミクソウィルス属とも言う)、ルブラウィルス属、およびモービリウィルス属を含む) およびニューモウィルス亜科 (Pneumovirinae) (ニューモウィルス属およびメタニューモウィルス属を含む) を含む。本発明を適用可能なパラミクソウィルスとしては、例えばパラミクソウィルス科のセンダイウィルス (Sendai virus)、ニューカッスル病ウィルス (Newcastle disease virus)、おたふくかぜウィルス (Mumps virus)、麻疹ウィルス (Measles virus)、RSウィルス (Respiratory syncytial virus)、牛痘ウィルス (rinderpest virus)、ジステンパーウィルス (distemper virus)、サルパラインフルエンザウィルス (SV5)、ヒトパラインフルエンザウィルス1, 2, 3型等が挙げられる。本発明のウィルスは、好ましくはパラミクソウィルス亜科 (レスピロウィルス属、ルブラウィルス属、およびモービリウィルス属を含む) に属するウィルスであり、より好ましくはレスピロウィルス属 (Respirovirus) (パラミクソウィルス属 (Paramyxovirus) とも言う) に属するウィルスまたはその誘導体である。本発明を適用可能なレスピロウィルス属ウィルスとしては、例えばヒトパラインフルエンザウィルス1型 (HPIV-1)、ヒトパラインフルエンザウィルス3型 (HPIV-3)、ウシパラインフルエンザウィルス3型 (BPIV-3)、センダイウィルス (Sendai virus; マウスパラインフルエンザウィルス1型とも呼ばれる)、およびサルパラインフルエンザウィルス10型 (SPIV-10) などが含まれる。本発明においてパラミクソウィルスは、最も好ましくはセンダイウィルスである。これらのウィルスは、天然株、野生株、変異株、ラボ継代株、および人為的に構築された株などに由来してもよい。DI粒子 (J. Virol. 68, 8413-8417(1994)) 等の不完全ウィルスや、合成したオリゴヌクレオチド等も、本発明のウィルスベクターを製造するための材料として使用することができる。(-)鎖RNAウィルスは遺伝子導入ベクターとして優れており、宿主細胞の細胞質でのみ転写・複製を行い、DNAフェーズを持たないため染色体への組み込み (integration) は起こらない。この

ため染色体異常による癌化や不死化などの安全面における問題が生じない。この特徴は、ベクター化した時の安全性に大きく寄与している。異種遺伝子発現の結果では、SeVを連続多代継代しても殆ど塩基の変異が認められず、ゲノムの安定性が高く、挿入異種遺伝子を長期間に渡って安定に発現する事が示されている (Yu, D. et al., *Genes Cells* 2, 457-466 (1997))。また、カプシド構造蛋白質を持たないことによる導入遺伝子のサイズまたはパッケージングの柔軟性 (flexibility) など性質上のメリットがある。SeVベクターは、外来遺伝子を4kb以上導入可能であり、転写ユニットを付加することによって2種類以上の遺伝子を同時に発現する事が可能である。

また、センダイウィルスは齧歯類にとっては病原性で肺炎を生じることが知られているが、ヒトに対しては病原性がない。これはまた、野生型センダイウィルスの経鼻的投与によって非ヒト霊長類において重篤な有害作用を示さないというこれまでの報告によっても支持されている (Hurwitz, J. L. et al., *Vaccine* 15 : 533-540, 1997)。更に特筆すべき利点として以下の2点、すなわち「高感染性」及び「高発現量」を挙げることができる。SeVベクターは細胞膜蛋白糖鎖のシアル酸に結合して感染するが、このシアル酸はほとんどの細胞で発現しており、このことが感染スペクトルを広くする、則ち高感染性に繋がっている。SeVのレプリコンをベースにした複製型ベクターは放出されたウィルスが周囲の細胞にも再感染し、感染細胞の細胞質で多コピーに複製されたRNPが細胞の分裂に伴い娘細胞にも分配されるため持続発現が期待される。また、SeVベクターは非常に広い組織適用範囲を持つ。広範な感染性を有するということは、様々な種類の抗体治療（及び解析）に利用可能であることを示している。また、細胞質のみでの転写・複製という特徴的な発現機構であることから、搭載遺伝子の発現量が非常に高いことが示されている (Moriya, C. et al., *FEBS Lett.* 425(1) 105-111 (1998); W000/70070)。

本発明においてベクターとは、核酸を細胞に導入する担体である。また本発明

において「(-)鎖RNAウィルスベクター」とは、(-)鎖RNAウィルスに由来し核酸を細胞に導入するベクター（担体）を指す。本発明の(-)鎖RNAウィルスベクターは、感染力を持つウィルス粒子であってよい。ウィルス粒子とは、ウィルス蛋白質の働きにより細胞から放出される、核酸を含む微小粒子を言う。ウィルス粒子の形状はウィルスの種類により球状、棍棒状など様々であってよいが、細胞より十分に小さく、その大きさは通常10nm～800nm程度である。パラミクソウィルスのウィルス粒子は、ゲノムRNAとウィルス蛋白質を含む上記RNPが細胞膜由来の脂質膜（エンベロープという）に含まれた構造をしている。アミノ酸置換を含む変異ウィルス蛋白質（実施例に記載の変異M、HM、P、またはL蛋白質など）をコードする遺伝子をゲノムに持つウィルスにおいては、ウィルスベクターは(-)鎖RNAウィルスのゲノムRNAとウィルス蛋白質からなる複合体、すなわちリボヌクレオプロテイン（RNP）であってよい。RNPは、例えば所望のトランスフェクション試薬と組み合わせることで標的とする細胞に導入することができる。このようなRNPは、具体的には(-)鎖RNAウィルスのゲノムRNA、N蛋白質、P蛋白質、およびL蛋白質を含む複合体である。RNPは細胞内に導入されると、ウィルス蛋白質の働きによりゲノムRNAからウィルス蛋白質をコードするシストロンが転写されると共に、ゲノム自身が複製され娘RNPが形成される。ゲノムRNAの複製は、該RNAのコピー数の増加をRT-PCRまたはノーザンハイブリダイゼーション等により検出することにより確認することができる。「感染力」とは、組換え(-)鎖RNAウィルスベクターが細胞への接着能を保持していることにより、接着した細胞の内部にベクター内部の遺伝子を導入することのできる能力のことを言う。好ましい態様では、(-)鎖RNAウィルスベクターは、外来遺伝子を発現することができるよう保持する。本発明における(-)鎖RNAウィルスベクターは、M蛋白質の細胞表面の凝集が低下または消失し、粒子形成が抑制されるため、野生型ウィルスのような複製能を有さない。「複製能」とは、ウィルスベクターが宿主細胞に感染した場合、該細胞においてウィルスが複製され、感染性ウィルス粒子が産生される能力を指す。宿主細胞として

は、例えばLLC-MK2またはCV-1等が挙げられる。

(-)鎖RNAウィルスベクターは、(-)鎖RNAウィルスのゲノムRNAを含んでいる。ゲノムRNAとは、(-)鎖RNAウィルスのウィルス蛋白質と共にRNPを形成し、該蛋白質によりゲノム中の遺伝子が発現し、該核酸が複製して娘RNPが形成される機能を持つRNAを言う。(-)鎖RNAウィルスは(-)鎖（ネガティブ鎖）RNAをゲノムに持つウィルスであるので、このようなRNAは搭載遺伝子をアンチセンスとしてコードしている。一般に(-)鎖RNAウィルスのゲノムは、3' リーダー領域と5' トレイラー領域の間に、ウィルス遺伝子がアンチセンスとして並んだ構成をしている。各遺伝子のORFの間には、転写終結配列(E配列) - 介在配列(I配列) - 転写開始配列(S配列)が存在し、これにより各遺伝子のORFをコードするRNAが別々のシストロンとして転写される。本発明のウィルスに含まれるゲノムRNAは、該RNAにコードされる遺伝子群の発現およびRNA自身の自律的な複製に必要なウィルス蛋白質であるN（ヌクレオキャプシド）、P（ホスホ）、およびL（ラージ）あるいはこれらの変異蛋白質をアンチセンスにコードしている。好ましい態様では、該RNAは、ウィルス粒子の形成に必要なM（マトリックス）蛋白質をコードしていないか、あるいは変異M蛋白質をコードしている。さらに該RNAは、ウィルス粒子の感染に必要なスパイク蛋白質をコードしていてもよく、していなくてもよい。好ましい態様では、該RNAはスパイク蛋白質の少なくとも1つに変異を有するか、あるいは少なくとも1つの蛋白質をコードしていない。パラミクソウィルスのスパイク蛋白質としては、細胞膜融合を起こす蛋白質であるF（フュージョン）蛋白質および細胞への接着に必要なHN（ヘマグルチニン-ノイラミニダーゼ）蛋白質が挙げられる。

「組み換え」体とは、組み換えポリヌクレオチドを介して生成した化合物または組成物を言う。組み換えポリヌクレオチドとは、自然の状態と同じようには結合していないポリヌクレオチドを言う。すなわち、人為的にポリヌクレオチド鎖がつなぎ替えられたり、あるいは合成されたポリヌクレオチドなどが含まれる。本明細書において、「組み換え」(-)鎖RNAウィルスベクターとは、遺伝子操作に

より構築された(一)鎖RNAウィルスベクターまたはそれを増幅して得られる(一)鎖RNAウィルスベクターを言う。組み換え(一)鎖RNAウィルスベクターは、例えば、組み換え(一)鎖RNAウィルスcDNAを再構成して生成することができる。

例えばパラミクソウィルスのウィルス蛋白質をコードする遺伝子としては、NP、P、M、F、HN、およびL遺伝子が挙げられる。「NP、P、M、F、HN、およびL遺伝子」とは、それぞれヌクレオキャプシド、ホスホ、マトリックス、フュージョン、ヘマグルチニン-ノイラミニダーゼ、およびラージ蛋白質をコードする遺伝子のことを指す。例えばパラミクソウィルス亜科に属する各ウィルスにおける各遺伝子は、一般に次のように表記される。一般に、NP遺伝子は「N遺伝子」と表記されることもある。

レスピロウィルス属	NP	P/C/V	M	F	HN	-	L
ルブラウィルス属	NP	P/V	M	F	HN	(SH)	L
モービリウィルス属	NP	P/C/V	M	F	H	-	L

例えばパラミクソウィルス科 (*Paramyxoviridae*) のレスピロウィルス (*Respirovirus*) に分類されるセンダイウィルスの各遺伝子の塩基配列のデータベースのアクセッション番号は、NP遺伝子については M29343、M30202、M30203、M30204、M51331、M55565、M69046、X17218、P遺伝子については M30202、M30203、M30204、M55565、M69046、X00583、X17007、X17008、M遺伝子については D11446、K02742、M30202、M30203、M30204、M69046、U31956、X00584、X53056、F遺伝子については D00152、D11446、D17334、D17335、M30202、M30203、M30204、M69046、X00152、X02131、HN遺伝子については D26475、M12397、M30202、M30203、M30204、M69046、X00586、X02808、X56131、L遺伝子については D00053、M30202、M30203、M30204、M69040、X00587、X58886を参照のこと。

本発明において「遺伝子」とは遺伝物質を指し、RNAおよびDNA等の核酸が含まれる一般に、遺伝子は蛋白質をコードしてもよく、また蛋白質をコードしていなくてもよい。本発明において蛋白質をコードする核酸は、該蛋白質の遺伝子と呼

ぶ。例えば遺伝子はリボザイムまたはアンチセンスRNAなどの機能的RNAをコードするものであってもよい。遺伝子は天然由来または人為的に設計された配列であり得る。また、本発明において「DNA」とは、一本鎖DNAおよび二本鎖DNAを含む。また蛋白質をコードするとは、ポリヌクレオチドが該蛋白質を適当な条件下で発現できるように、該蛋白質のアミノ酸配列をコードするORFをセンスまたはアンチセンスに含むことを言う。

本発明において検査または製造される(一)鎖RNAウィルスベクターとしては、特に制限はない。好適な(一)鎖RNAウィルスベクターとして、例えば、M蛋白質の細胞表面の凝集の低下または消失が持続的に相補される条件下で複製能を示し、自立的に増殖するようなベクターが挙げられる。例えば、一般に天然型パラミクソウィルスのゲノムは、3'の短いリーダー領域に続き、N(ヌクレオキャプシド)、P(ホスホ)、M(マトリックス)、F(フュージョン)、HN(ヘマグルチニン-ノイラミニダーゼ)、およびL(ラージ)蛋白質をコードする6つの遺伝子が並んでおり、短い5'トレイラー領域を他端に有する。これと同様の構造を有するゲノムを設計することにより、自律複製可能なパラミクソウィルスベクターを製造することができる。例えばこれらの遺伝子のいずれかに変異や欠失を有することによりM蛋白質の局在を低下または消失させるウィルスのゲノムや、またはM蛋白質の局在を低下または消失させる他の遺伝子を持つウィルスゲノムを構築し、これを相補する条件下でゲノムを転写させてウィルスの再構成を行う。ゲノム内に外来遺伝子を挿入することにより、外来遺伝子を発現するベクターを製造することができる。なお、本発明における(一)鎖RNAウィルスベクターは、ベクター上のウィルス遺伝子の配置は野生型ウィルスから改変されていてもよい。

本発明における粒子形成能が低下または消失したウィルスベクターは、保持するウィルス遺伝子をさらに欠失させたりまたは変異させてもよい。例えば、M遺伝子に温度感受性変異を有していたり、あるいはM遺伝子が欠失することにより粒子形成能が低下または消失したウィルスベクターは、さらにHNおよび/またはF遺伝

子、あるいはその他のウィルス遺伝子に変異を有していたり、あるいは欠失していることもできる。例えば、実施例に記載のように、温度感受性M遺伝子を持つベクターにおいて、HN遺伝子および/またはF遺伝子等にも温度感受性変異を有していたり、あるいはFおよび/またはHN遺伝子が欠失しているベクターを、本発明に従って製造することができる。また、M遺伝子を欠失したベクターにおいて、さらにFおよび/またはHN遺伝子を欠失していたり、あるいはFおよび/またはHN遺伝子に温度感受性変異等の変異を有するベクターを製造することもできる。これらのベクターを再構成させるには、温度感受性変異を持つ場合においては許容温度において再構成を行う。また、遺伝子を欠失または欠損する場合においては、正常な機能を有する遺伝子産物をトランスに供給して再構成を行う。例えば、これらの遺伝子産物をコードする遺伝子が染色体に組み込まれた宿主細胞にベクターゲノムをコードする発現ベクターを導入して発現させ、該宿主細胞内において該遺伝子産物を供給してベクターの再構成を行うことができる。これらの遺伝子産物のアミノ酸配列は、ウィルス由来の配列そのままでもなくとも、産生されるウィルスベクターの核酸の導入における活性が天然型のそれと同等かそれ以上ならば、変異を導入したり、あるいは他のウィルスの相同遺伝子で代用してもよい。

また、ベクターゲノムが由来するウィルスのエンベロープ蛋白質とは異なる蛋白質をエンベロープに含むベクターを作製することもできる。例えば、ウィルス再構成の際に、ベクターのベースとなるウィルスのゲノムがコードするエンベロープ蛋白質以外のエンベロープ蛋白質を細胞で発現させることにより、所望のエンベロープ蛋白質を有するウィルスベクターを製造することができる。このような蛋白質に特に制限はない。例えば、他のウィルスのエンベロープ蛋白質、例えば水疱性口内炎ウィルス（VSV）のG蛋白質（VSV-G）を挙げることができる。本発明における（一）鎖RNAウィルスベクターには、VSV-G蛋白質などのように、ゲノムが由来するウィルス以外のウィルスに由来するエンベロープ蛋白質を含むシュードタイプウィルスベクターが含まれる。

また、本発明における(一)鎖RNAウィルスベクターは、例えば、エンベロープ表面に特定の細胞に接着しうるような接着因子、リガンド、受容体等の蛋白質、あるいはこれらの蛋白質を細胞外領域に有し、ウィルスエンベロープ由来のポリペプチドを細胞内領域に有するキメラ蛋白質などを含むものであってもよい。これにより、特定の組織を標的とするベクターを作り出すこともできる。これらはウィルスゲノムにコードされていてもよいし、ウィルスベクターの再構成時に、ウィルスゲノム以外の遺伝子（例えば別の発現ベクターまたは宿主染色体などの遺伝子）の発現により供給されてもよい。

また、本発明における(一)鎖RNAウィルスベクターは、例えばベクターに由来するウィルス蛋白質による免疫原性を低下させるために、またはRNAの転写効率や複製効率を高めるために、ベクターに含まれるウィルス遺伝子が野生型遺伝子から改変されたものであってもよい。具体的には、例えばパラミクソウィルスベクターにおいては、複製因子であるNP遺伝子、P/C遺伝子およびL遺伝子の少なくとも一つを改変し、転写または複製の機能を高めることが考えられる。また、構造体蛋白質の1つであるHN蛋白質は、赤血球凝集素であるヘマグルチニン（hemagglutinin）活性とノイラミニダーゼ（neuraminidase）活性との両者の活性を有するが、例えば前者の活性を弱めることができれば、血液中でのウィルスの安定性を向上させることが可能であろうし、例えば後者の活性を改変することにより、感染能を調節することも可能である。また、膜融合に関わるF蛋白質を改変することにより、膜融合能を調節することもできる。また、例えば、細胞表面の抗原分子となりうるF蛋白質やHN蛋白質の抗原提示エピトープ等を解析し、これを利用してこれらの蛋白質に関する抗原提示能を弱めたウィルスベクターを作製することもできる。

また本発明における(一)鎖RNAウィルスベクターにおいては、アクセサリ遺伝子が欠損したものであってもよい。例えばSeVのアクセサリ遺伝子の1つであるV遺伝子をノックアウトすることにより、培養細胞における遺伝子発現や複製は障

害されることなく、マウス等の宿主に対するSeVの病原性が顕著に減少する (Kato, A. et al., 1997, J. Virol. 71:7266-7272; Kato, A. et al., 1997, EMBO J. 16:578-587; Curran, J. et al., W001/04272, EP1067179)。このような弱毒化ベクターは、in vivo またはex vivoにおける遺伝子導入用ウィルスベクターとして特に好適である。

本発明のウィルスベクターは、ゲノムRNA中に外来遺伝子をコードし得る。外来遺伝子を含む組換えウィルスベクターは、上記のウィルスベクターゲノムに外来遺伝子を挿入することによって得られる。外来遺伝子としては、標的とする細胞において発現させたい所望の遺伝子を用いることができる。外来遺伝子は天然型蛋白質をコードする遺伝子であってもよく、また天然型蛋白質と同等の機能を有する蛋白質をコードする限り、欠失、置換または挿入により天然型蛋白質を改変した蛋白質をコードする遺伝子であってもよい。あるいは、天然型蛋白質の欠失型や人工的な蛋白質などであってもよい。例えば、遺伝子治療などを目的とする場合には、該ウィルスベクターDNAに対象となる疾患の治療用遺伝子を挿入する。ウィルスベクターDNAに外来遺伝子を導入する場合は、例えば、センダイウィルスベクターDNAにおいては、転写終結(E)配列と転写開始(S)配列との間などに、6の倍数の塩基数を有する配列を挿入することが望ましい (Journal of Virology, Vol. 67, No. 8, 1993, p. 4822-4830)。外来遺伝子は、ウィルスの各遺伝子 (例えばNP、P、M、F、HN、およびL遺伝子) の前および/または後ろに挿入することができる。前後の遺伝子の発現を妨げないようにするため、外来遺伝子の前または後ろに適宜 E-I-S配列 (転写開始配列-介在配列-転写終結配列) またはその部分を挿入し、各遺伝子の間にE-I-S配列のユニットが配置されるようにする。あるいは、IRESを介して外来遺伝子を挿入し得る。

挿入した遺伝子の発現量は、その遺伝子の上流に付加する転写開始配列の種類により調節することができる (国際公開番号 W001/18223)。また、遺伝子挿入の位置、および遺伝子の前後の塩基配列により調節しうる。例えば、センダイウィ

ルスにおいては、挿入位置がウィルスゲノムのネガティブ鎖RNAの3' 端に近いほど（野生型ウィルスのゲノム上の遺伝子配置においては、NP遺伝子に近いほど）、挿入された遺伝子の発現量が高い。挿入遺伝子の高い発現を得るためには、挿入遺伝子をNP遺伝子の上流（マイナス鎖においては3' 側）またはNP遺伝子とP遺伝子の間など、上流領域（ネガティブ鎖ゲノムにおいて3' 側）に挿入することが好ましい。逆に、挿入位置がネガティブ鎖RNAの5' 端に近いほど（野生型ウィルスのゲノム上の遺伝子配置においては、L遺伝子に近いほど）、挿入された遺伝子の発現量が低くなる。外来遺伝子の発現を低く抑えるためには、例えばネガティブ鎖の最も5' 側、すなわち野生型ウィルスゲノムにおいてはL遺伝子の下流（ネガティブ鎖においてはL遺伝子の5' 隣接部位）、またはL遺伝子の上流（ネガティブ鎖においてはL遺伝子の3' 隣接部位）に外来遺伝子を挿入する。このように、外来遺伝子の挿入位置は、該遺伝子の所望の発現量を得るために、また前後のウィルス蛋白質をコードする遺伝子との組み合わせが最適となる様に適宜調節することができる。例えば、高力価ウィルスベクターの投与による導入遺伝子の高発現が毒性を示す場合は、投与するウィルス力価を制限することができる他、例えばベクターにおける挿入遺伝子の挿入位置をネガティブ鎖ゲノムのなるべく5' 側に設定したり、転写開始配列を効率の低いものにするなどして、個々のウィルスベクターからの発現レベルを低く抑えることで適切な治療効果が得られるようにすることも可能である。

一般に、細胞毒性を示さない限りにおいて、外来遺伝子の高い発現が得られることが有利と考えられるため、外来遺伝子は、効率の高い転写開始配列に連結し、ネガティブ鎖ゲノムの3' 端近くに挿入することが好ましい。好適なベクターの例としては、外来遺伝子が、(－)鎖RNAウィルスベクターのネガティブ鎖ゲノムにおいて、該ウィルスが持つウィルス蛋白質遺伝子のいずれよりも3' 側に配置されているベクターが挙げられる。例えばN遺伝子の上流（ネガティブ鎖においてN遺伝子コード配列の3' 側）に外来遺伝子が挿入されたベクターが好ましい。あるいは

は、N遺伝子のすぐ下流に挿入してもよい。Mおよび/またはF遺伝子等のウィルス遺伝子を欠失するゲノムでは、その欠失領域に外来遺伝子を挿入することができる。

外来遺伝子を容易に挿入できるようにするために、ゲノムをコードするベクターDNA中の挿入部位にクローニングサイトを設計することができる。クローニングサイトは、例えば制限酵素の認識配列とすることができる。クローニングサイトは、複数の制限酵素認識配列を有する、いわゆるマルチクローニングサイトとしてもよい。また、本発明における(-)鎖RNAウィルスベクターは、このように挿入した以外の位置に他の外来遺伝子を保持するものでもよい。

(-)鎖RNAウィルスベクターを製造するには、哺乳動物細胞において(-)鎖RNAウィルスのゲノムRNAを含むRNPの再構成に必要なウィルス蛋白質、すなわちN、P、およびL蛋白質の存在下、(-)鎖RNAウィルスのゲノムRNAをコードするcDNAを転写させる。転写によりネガティブ鎖ゲノム（すなわちウィルスゲノムと同じアンチセンス鎖）を生成させてもよく、あるいはポジティブ鎖（ウィルス蛋白質をコードするセンス鎖）を生成させても、ウィルスRNPを再構成することができる。ベクターの再構成効率を高めるには、好ましくはポジティブ鎖を生成させる。RNA末端は、天然のウィルスゲノムと同様に3'リーダー配列と5'トレイラー配列の末端なるべく正確に反映させることが好ましい。転写産物の5'端を正確に制御するためには、例えば転写開始部位としてT7 RNAポリメラーゼ認識配列を利用し、該RNAポリメラーゼを細胞内で発現させればよい。転写産物の3'端を制御するには、例えば転写産物の3'端に自己切断型リボザイムをコードさせておき、このリボザイムにより正確に3'端が切り出されるようにすることができる (Hasan, M. K. et al., J. Gen. Virol. 78: 2813-2820, 1997, Kato, A. et al., 1997, EMBO J. 16: 578-587 及び Yu, D. et al., 1997, Genes Cells 2: 457-466)。

例えば外来遺伝子を有する組み換えセンダイウィルスベクターは、Hasan, M. K. et al., J. Gen. Virol. 78: 2813-2820, 1997, Kato, A. et al., 1997, EMBO

J. 16: 578-587 及び Yu, D. et al., 1997, Genes Cells 2: 457-466の記載等に準じて、次のようにして構築することができる。

外来遺伝子を組み込む場合は、まず、目的の外来遺伝子のcDNA塩基配列を含むDNA試料を用意する。DNA試料は、25ng/ μ l以上の濃度で電気泳動的に単一のプラスミドと確認できることが好ましい。以下、外来遺伝子を、NotI部位を利用してウィルスゲノムRNAをコードするDNAに挿入する場合を例にとって説明する。目的とするcDNA塩基配列の中にNotI認識部位が含まれる場合は、部位特異的変異挿入法などを用いて、コードするアミノ酸配列を変化させないように塩基配列を改変し、NotI部位を予め除去しておくことが好ましい。この試料から目的の遺伝子断片をPCRにより増幅回収する。2つのプライマーの5'部分にNotI部位を付加しておくことにより、増幅された断片の両端をNotI部位とする。ウィルスゲノム上に挿入された後の外来遺伝子のORFとその両側のウィルス遺伝子のORFとの間にE-I-S配列のユニットが配置されるように、プライマー中にE-I-S配列（または挿入部位によってはその部分）を含めるようにする。

例えば、フォワード側合成DNA配列は、NotIによる切断を保証するために5'側に任意の2以上のヌクレオチド（好ましくはGCGおよびGCCなどのNotI認識部位由来の配列が含まれない4塩基、更に好ましくはACTT）を選択し、その3'側にNotI認識部位gcggccgcを付加し、さらにその3'側にスペーサー配列として任意の9塩基または9に6の倍数を加えた数の塩基を付加し、さらにその3'側に所望のcDNAの開始コドンATGからこれを含めてORFの約25塩基相当の配列を付加した形態とする。最後の塩基はGまたはCとなるように該所望のcDNAから約25塩基を選択してフォワード側合成オリゴDNAの3'の末端とすることが好ましい。

リバーズ側合成DNA配列は5'側から任意の2以上のヌクレオチド（好ましくはGCGおよびGCCなどのNotI認識部位由来の配列が含まれない4塩基、更に好ましくはACTT）を選択し、その3'側にNotI認識部位gcggccgcを付加し、さらにその3'側に長さを調節するための挿入断片のオリゴDNAを付加する。このオリゴDNAの長さは、

E-I-S配列を含む最終的なPCR増幅産物のNotI断片の鎖長が6の倍数になるように塩基数を設計する（いわゆる「6のルール（rule of six）」；Kolakofski, D. et al., J. Virol. 72:891-899, 1998; Calain, P. and Roux, L., J. Virol. 67: 4822-4830, 1993; Calain, P. and Roux, L., J. Virol. 67: 4822-4830, 1993）。さらに挿入断片の3'側にセンダイウィルスのS配列の相補鎖配列、好ましくは5'-CTTTCACCT-3'（配列番号：1）、I配列の相補鎖配列、好ましくは5'-AAG-3'、E配列の相補鎖配列、好ましくは5'-TTTTCTTACTACGG-3'（配列番号：2）、さらにその3'側に所望のcDNA配列の終始コドンから逆に数えて約25塩基相当の相補鎖の最後の塩基がGまたはCになるように長さを選択して配列を付加し、リバーズ側合成オリゴDNAの3'の末端とする。

PCRは、例えば、ExTaqポリメラーゼ（宝酒造）を用いる通常の方法を用いることができる。好ましくはVentポリメラーゼ（NEB）、より好ましくはPfuポリメラーゼ（Toyobo）を用いて行い、増幅した目的断片はNotIで消化した後、プラスミドベクターpBluescriptのNotI部位に挿入する。得られたPCR産物の塩基配列をシーケンサーで確認し、正しい配列のプラスミドを選択する。このプラスミドから挿入断片をNotIで切り出し、ゲノムcDNAを含むプラスミドのNotI部位にクローニングする。またプラスミドベクターを介さずにNotI部位に直接挿入し、組み換えセンダイウィルスcDNAを得ることも可能である。

例えば、組み換えセンダイウィルスゲノムcDNAであれば、文献記載の方法に準じて構築することができる（Yu, D. et al., Genes Cells 2: 457-466, 1997; Hasan, M. K. et al., J. Gen. Virol. 78: 2813-2820, 1997）。例えば、まずNotI制限部位を有する18bpのスペーサー配列（5'-(G)-CGGCCGAGATCTTCAG-3'）（配列番号：3）を、クローニングされたセンダイウィルスゲノムcDNA（pSeV(+)）のリーダー配列とN蛋白質をコードするORFとの間に挿入し、デルタ肝炎ウィルスのアンチゲノム鎖（antigenomic strand）由来の自己開裂リボザイム部位を含むプラスミドpSeV18'b(+)を得る（Hasan, M. K. et al., 1997, J. General Virology

78: 2813-2820)。

例えば、M遺伝子を欠損させたり、あるいはM遺伝子へ温度感受性変異を導入する場合、(一)鎖RNAウィルス全長ゲノムcDNAを制限酵素で消化して、M遺伝子を含むフラグメントを回収し、適当なプラスミドにクローニングする。M遺伝子の変異またはM遺伝子欠損部位の構築はこのプラスミド上で行う。変異導入には、例えば QuikChange™ Site-Directed Mutagenesis Kit (Stratagene, La Jolla, CA) などを利用してKitに記載の方法に従って実施することができる。M遺伝子の欠損または欠失のためには、例えば PCR-ライゲーション方法の組み合わせで行い、M遺伝子のORF全部または一部を欠失させ、適宜適当なスペーサー配列で連結することができる。目的のM遺伝子の変異体または欠損体を得られたら、これを含むフラグメントを回収し、もとの全長ゲノムcDNAのM遺伝子と置換することにより、温度感受性変異M遺伝子を持つウィルスゲノムcDNAなどを調製することができる。同様の方法で、例えばFおよび/またはHN遺伝子等に変異を導入することができる。

(一)鎖RNAウィルスベクターのゲノムをコードするDNAを転写させ、細胞におけるM蛋白質の局在の低下または消失を持続的に相補する条件下でベクターを再構成させることにより、粒子形成能が低下または消失した(一)鎖RNAウィルスベクターを製造することができる。本発明は、本発明の粒子形成能が低下または消失した組み換え(一)鎖RNAウィルスベクターの製造方法に適用するための、(一)鎖RNAウィルスベクターのゲノムをコードするDNAを提供する。また本発明は、本発明の粒子形成能が低下または消失した組み換え(一)鎖RNAウィルスベクターの製造方法に適用するための、該ベクターのゲノムをコードするDNAの使用に関する。ウィルスベクターDNAからのウィルスの再構成は公知の方法を利用して行うことができる (国際公開97/16539号; 国際公開97/16538号; Durbin, A. P. et al., 1997, *Virology* 235: 323-332; Whelan, S. P. et al., 1995, *Proc. Natl. Acad. Sci. USA* 92: 8388-8392; Schnell, M. J. et al., 1994, *EMBO J.* 13: 4195-4203; Radecke, F. et al., 1995, *EMBO J.* 14: 5773-5784; Lawson, N. D. et al., *Proc. Na*

tl. Acad. Sci. USA 92: 4477-4481; Garcin, D. et al., 1995, EMBO J. 14: 6087-6094; Kato, A. et al., 1996, Genes Cells 1: 569-579; Baron, M. D. and Barrett, T., 1997, J. Virol. 71: 1265-1271; Bridgen, A. and Elliott, R. M., 1996, Proc. Natl. Acad. Sci. USA 93: 15400-15404)。これらの方法により、パラインフルエンザ、水疱性口内炎ウィルス、狂犬病ウィルス、麻疹ウィルス、リンダーペストウィルス、センダイウィルスなどを含む(-)鎖RNAウィルスまたはウィルス成分となるRNPをDNAから再構成させることができる。

組み換え(-)鎖RNAウィルスベクターは、具体的には、(a) (-)鎖RNAウィルスに由来するネガティブ鎖RNAまたはその相補鎖(ポジティブ鎖)をコードするベクターDNAを、NP、P、およびL蛋白質を発現する細胞(ヘルパー細胞)で転写させる工程、(b) 該細胞あるいは該細胞から得られたウィルスベクターまたはそのRNP成分を導入した細胞を、細胞におけるM蛋白質の局在の低下または消失(例えばM蛋白質の細胞表面の凝集の低下または消失)を持続的に相補する条件下で培養し、その培養上清からウィルス粒子を回収する工程、により製造することができる。ベクターDNAから転写されたRNAは NP、L、およびP蛋白質とRNP複合体を形成し、さらに工程(b)においてエンベロープ蛋白質を含む外殻に包まれたウィルス粒子が形成する。本発明においては、工程(b)における培養を低温、すなわち35℃以下、より好ましくは34℃以下、さらに好ましくは33℃以下、最も好ましくは32℃またはそれ以下で行うことが好ましい。

上記の細胞におけるM蛋白質の局在の低下または消失を持続的に相補する条件下で培養するとは、具体的には、温度感受性変異蛋白質を用いる場合であれば許容温度で培養することである。また、遺伝子欠損(または欠失)変異を持つウィルスの製造であれば、例えば、その遺伝子の野生型またはそれと同等の機能を有する遺伝子を持続的に発現させた条件下で培養すること、より具体的には、例えばヘルパー細胞の染色体に組み込まれた該遺伝子の野生型またはそれと同等の機能を有する遺伝子が発現する条件下で培養することである。

ヘルパー細胞で発現させる、ウィルスゲノムをコードするDNA（ベクターDNA）は、ゲノムのマイナス鎖（ネガティブ鎖RNA）またはその相補鎖（ポジティブ鎖RNA）をコードしている。例えば、ネガティブ鎖RNAまたはその相補鎖をコードするDNAをT7プロモーターの下流に連結させ、T7 RNA ポリメラーゼによりRNAに転写させる。プロモーターとしては、T7ポリメラーゼの認識配列を含むもの以外にも所望のプロモーターを利用することができる。あるいは、インピトロで転写させたRNAをヘルパー細胞にトランスフェクトしてもよい。細胞内で転写させる鎖は、ウィルスゲノムのポジティブ鎖でもネガティブ鎖でもよいが、ポジティブ鎖が転写されるようにすることが再構成の効率を上げるためには好ましい。

例えば、ベクターDNAを細胞内に導入する方法には、次のような方法、①目的の細胞が取り込めるようなDNA沈殿物を作る方法、②目的の細胞による取りこみに適し、かつ細胞毒性の少ない陽電荷特性を持つDNAを含む複合体を作る方法、③目的の細胞膜に、DNA分子が通り抜けられるだけに十分な穴を電気パルスによって瞬間的に開ける方法などがある。

②としては、種々のトランスフェクション試薬が利用できる。例えば、DOTMA（Boehringer）、Superfect（QIAGEN #301305）、DOTAP、DOPE、DOSPER（Boehringer #1811169）などが挙げられる。①としては例えばリン酸カルシウムを用いたトランスフェクション法が挙げられ、この方法によって細胞内に入ったDNAは貧食小胞に取り込まれるが、核内にも十分な量のDNAが入ることが知られている（Graham, F. L. and Van Der Eb, J., 1973, Virology 52: 456; Wigler, M. and Silverstein, S., 1977, Cell 11: 223）。ChenおよびOkayamaはトランスファー技術の最適化を検討し、1) 細胞と共沈殿物のインキュベーション条件を 2~4% CO₂、35℃、15~24時間、2) DNAは直鎖状より環状のものが活性が高く、3) 沈殿混液中のDNA濃度が 20~30 μg/ml のとき最適な沈殿が得られると報告している（Chen, C. and Okayama, H., 1987, Mol. Cell. Biol. 7: 2745）。②の方法は、一過的なトランスフェクションに適している。古くはDEAE-デキストラン（Sigma #D-9885

M.W. 5×10^5) 混液を所望のDNA濃度比で調製し、トランスフェクションを行う方法が知られている。複合体の多くはエンドソームの中で分解されてしまうため、効果を高めるためにクロロキンを加えることもできる (Calos, M. P., 1983, Proc. Natl. Acad. Sci. USA 80: 3015)。③の方法は電気穿孔法と呼ばれる方法で、細胞選択性がないという点で①や②の方法に比べて汎用性が高い。効率はパルス電流の持続時間、パルスの形、電界（電極間のギャップ、電圧）の強さ、バッファの導電率、DNA濃度、細胞密度の最適条件下で良いとされている。

以上、3つのカテゴリーの中で②の方法は操作が簡便で多量の細胞を用いて多数の検体を検討することができるので、ベクター再構成のためのDNAの細胞への導入には、トランスフェクション試薬が適している。好適には Superfect Transfection Reagent (QIAGEN, Cat No. 301305)、または DOSPER Liposomal Transfection Reagent (Roche, Cat No. 1811169) が用いられるが、これらに制限されない。

cDNAからのウィルスベクターの再構成は具体的には例えば次のようにして行うことができる。

24穴から6穴程度のプラスチックプレートまたは100mmペトリ皿等で、10%ウシ胎児血清(FCS)および抗生物質 (100 units/ml ペニシリンGおよび100 μ g/ml ストレプトマイシン) を含む最少必須培地 (MEM)を用いてサル腎臓由来細胞株LLC-MK2を70~80%コンフルエントになるまで培養し、例えば 1 μ g/ml psoralen (ソラレン) 存在下 UV照射処理を20分処理で不活化した、T7ポリメラーゼを発現する組換えワクシニアウィルスvTF7-3 (Fuerst, T. R. et al., Proc. Natl. Acad. Sci. USA 83: 8122-8126, 1986、Kato, A. et al., Genes Cells 1: 569-579, 1996) を2 PFU/細胞で感染させる。ソラレンの添加量およびUV照射時間は適宜調整することができる。感染1時間後、2~60 μ g、より好ましくは3~20 μ gの粒子形成能が低下または消失した組換えセンダイウィルスのゲノムRNAをコードするDNAを、ウィルスRNPの生成に必須なトランスに作用するウィルス蛋白質を発現するプラスミド

(0.5~24 μ gのpGEM-N、0.5~12 μ gのpGEM-P、および0.5~24 μ gのpGEM-L、より好ましくは例えば1 μ gのpGEM-N、0.5 μ gのpGEM-P、および1 μ gのpGEM-L) (Kato, A. et al., Genes Cells 1: 569-579, 1996) と共にSuperfect (QIAGEN社) を用いたりポフェクション法等によりトランスフェクションする。N、P、およびLをコードする発現ベクターの量比は 2:1:2 とすることが好ましく、プラスミド量は、例えば1~4 μ gのpGEM-N、0.5~2 μ gのpGEM-P、および1~4 μ gのpGEM-L程度で適宜調整する。粒子形成させるために必要な遺伝子を、ここで共にトランスフェクションすれば、形成したウィルス粒子がヘルパー細胞に再感染してウィルスをより増幅させることができる。トランスフェクションを行った細胞は、所望により100 μ g/mlのリファンピシン (Sigma) 及びシトシンアラビノシド (AraC) 、より好ましくは40 μ g/mlのシトシンアラビノシド (AraC) (Sigma) のみを含む血清不含のMEMで培養し、ワクシニアウィルスによる細胞毒性を最少にとどめ、ウィルスの回収率を最大にするように薬剤の最適濃度を設定する (Kato, A. et al., 1996, Genes Cells 1: 569-579) 。トランスフェクションから48~72時間程度培養後、細胞を回収し、凍結融解を3回繰り返して細胞を破碎した後、RNPを含む破碎物を再度LLC-MK2細胞にトランスフェクションして、細胞におけるM蛋白質の局在の低下または消失を持続的に相補する条件下で培養する。この過程では、ウィルス粒子形成が遂行し、ウィルスが増幅する。または、培養上清を回収し、ウィルス産生用細胞の培養液に添加して感染させ培養する。細胞におけるM蛋白質の局在の低下または消失を持続的に相補する条件下で培養3~7日後に培養液を回収する。

RNPのトランスフェクションは、例えばリポフェクトアミンやポリカチオニックリポソームなどと共に複合体を形成させて細胞に導入することが可能である。具体的には、種々のトランスフェクション試薬が利用できる。例えば、DOTMA (Roche) 、Superfect (QIAGEN #301305) 、DOTAP、DOPE、DOSPER (Roche #1811169) などが挙げられる。エンドソーム中での分解を防ぐため、クロロキンを加えることもできる (Calos, M. P., 1983, Proc. Natl. Acad. Sci. USA 80: 3015) 。

エンベロープ蛋白質をコードする遺伝子を欠損したウィルスベクターを再構成させるには、エンベロープ蛋白質を発現するLLC-MK2細胞をトランスフェクションに使用するか、またはエンベロープ発現プラスミドを共にトランスフェクションすればよい。また、トランスフェクションを行った細胞をエンベロープ蛋白質を発現するLLC-MK2細胞に重層し、細胞におけるM蛋白質の局在の低下または消失を持続的に相補する条件下で培養することによってウィルスベクターを増幅することもできる（国際公開番号 W000/70055 および W000/70070参照）。あるいは、上記の凍結融解による細胞破砕物を10日齢の発育鶏卵の尿膜内へ接種し、細胞におけるM蛋白質の局在の低下または消失を持続的に相補する条件下で維持し、約3日後に、尿液を回収してもよい。培養上清または尿液に含まれるウィルス力価は赤血球凝集活性(HA)を測定することにより決定することができる。HAは「endo-point 希釈法」(Kato, A. et al., 1996, Genes Cells 1: 569-579; Yonemitsu, Y. & Kaneda, Y., Hemagglutinating virus of Japan-liposome-mediated gene delivery to vascular cells. Ed. by Baker AH. Molecular Biology of Vascular Diseases. Method in Molecular Medicine: Humana Press: pp. 295-306, 1999)により決定することができる。混入し得るT7ポリメラーゼ発現ワクシニアウィルスを除去するために、得られた尿液試料を適宜希釈（例えば 10^6 倍）して、細胞におけるM蛋白質の局在の低下または消失を持続的に相補する条件下で鶏卵で再増幅させることができる。再増幅は、例えば3回上繰り返すことができる。得られたウィルスストックは -80°C で保存することができる。

回収されたウィルスの力価は、例えばCIU (Cell-Infected Unit) 測定または赤血球凝集活性(HA)の測定することにより決定することができる (W000/70070; Kato, A. et al., 1996, Genes Cells 1: 569-579; Yonemitsu, Y. & Kaneda, Y., Hemagglutinating virus of Japan-liposome-mediated gene delivery to vascular cells. Ed. by Baker AH. Molecular Biology of Vascular Diseases. Method in Molecular Medicine: Humana Press: pp. 295-306, 1999)。また、GFP（緑

色蛍光蛋白質)などのマーカー遺伝子を搭載したベクターについては、マーカーの指標に直接的に感染細胞をカウントすることにより力価を定量することができる(例えばGFP-CIUとして)。このようにして測定した力価は、CIUと同等に扱うことができる(W000/70070)。

ウィルスベクターが再構成する限り、再構成に用いる宿主細胞は特に制限されない。例えば、センダイウィルスベクター等の再構成においては、サル腎由来LLC MK2細胞およびCV-1細胞、ハムスター腎由来のBHK細胞などの培養細胞、ヒト由来細胞等を使うことができる。これらの細胞に適当なエンベロープ蛋白質を発現させることで、その蛋白質をエンベロープに含む感染性ウィルス粒子を得ることもできる。また、大量にウィルスベクターを得るために、上記の宿主から得られたウィルスベクターを発育鶏卵に感染させ、細胞におけるM蛋白質の局在の低下または消失を持続的に相補する条件下で該ベクターを増幅することができる。鶏卵を使ったウィルスベクターの製造方法は既に開発されている(中西ら編,(1993),「神経科学研究の先端技術プロトコールIII, 分子神経細胞生理学」, 厚生社, 大阪, pp.153-172)。具体的には、例えば、受精卵を培養器に入れ9~12日間 37~38℃で培養し、胚を成長させる。ウィルスベクターを尿膜腔へ接種し、数日間卵を培養してウィルスベクターを増殖させる。培養期間等の条件は、増幅する組み換えウィルスにより変わり得る。その後、ウィルスを含んだ尿液を回収する。尿液からのウィルスベクターの分離・精製は常法に従って行うことができる(田代真人,「ウィルス実験プロトコール」, 永井、石浜監修, メジカルビュー社, pp.68-73, (1995))。

具体的には、例えば細胞におけるM蛋白質の局在が低下または消失する温度感受性変異M遺伝子を保持する組み換え(-)鎖RNAウィルスベクターを再構成させるには、(a) 該(-)鎖RNAウィルスに由来するネガティブ鎖RNAまたはその相補鎖(ポジティブ鎖)をコードするベクターDNAを、NP、P、およびL蛋白質を発現する細胞(ヘルパー細胞)で転写させる工程、(b) 該細胞あるいは該細胞から得られ

たウィルスベクターまたはそのRNP成分を導入した細胞を、許容温度以下で培養し、その培養上清からウィルス粒子を回収する工程、により製造することができる。本発明においては、特に工程（b）における培養を許容温度以下であり、かつ35℃以下、より好ましくは34℃以下、さらに好ましくは33℃以下、最も好ましくは32℃またはそれ以下で行うことが好ましい。

また、M蛋白質を欠失した（－）鎖RNAウィルスベクターの構築と調製は、以下のように行うことができる。

〈1〉 M欠失型（－）鎖RNAウィルスゲノムcDNAおよびM発現プラスミドの構築

（－）鎖RNAウィルス全長ゲノムcDNAを制限酵素で消化して、M遺伝子を含むフラグメントを回収し、pUC18にクローニングする。M欠損部位の構築はこのプラスミド上で行う。M遺伝子の欠損は、PCR-ライゲーション方法の組み合わせで行い、結果としてM遺伝子のORFを除いて適当なスペーサー配列で連結し、M欠失型ゲノムcDNAを構築する。M遺伝子上流および下流のゲノムをコードするDNAをPCRにより増幅し、これらを連結して全長M欠失型（－）鎖RNAウィルスゲノムcDNAを含むプラスミドを得る。外来遺伝子は、例えばM欠失部位にある制限酵素部位に挿入することができる。

〈2〉 （－）鎖RNAウィルスM蛋白を誘導発現するヘルパー細胞の作製

例えば（－）鎖RNAウィルスのM遺伝子の誘導的な発現が可能なベクターを構築するため、誘導性プロモーターまたはCre/loxPなどの組み換えによる発現制御系などを利用する。（－）鎖RNAウィルスのM遺伝子を発現するCre/loxP誘導型発現プラスミドの構築は（－）鎖RNAウィルスM遺伝子をPCRで増幅し、例えば、Cre DNAリコンビナーゼにより遺伝子産物を誘導発現されるように設計されたプラスミドpCALNdlw（Arai, T. et al., J. Virology 72, 1998, p1115-1121）のユニークサイトSwaI部位に増幅産物を挿入する。

M欠損ゲノムから感染ウィルス粒子を回収するため、M蛋白を持続的に高発現可能なヘルパー細胞株を樹立する。細胞は、例えばサル腎臓由来細胞株LLC-MK2細胞

等を用いることができる。LLC-MK2細胞は、10%の熱処理した不活化ウシ胎児血清 (FBS)、ペニシリンGナトリウム 50単位/ml、およびストレプトマイシン 50 μ g/ml を添加したMEMで37℃、5% CO₂で培養する。Cre DNAリコンビナーゼによりM遺伝子産物を誘導発現されるように設計された上記プラスミドを、リン酸カルシウム法 (mammalian transfection kit (Stratagene)) により、周知のプロトコールに従ってLLC-MK2細胞に遺伝子導入を行う。

例えば、10cmプレートを用い、40%コンフルエントまで生育したLLC-MK2細胞に10 μ gのM発現プラスミドをトランスフェクション後、10mlの10% FBSを含むMEM培地にて、37℃の5% CO₂ インキュベーター中で24時間培養する。24時間後に細胞をはがし、10ml培地に懸濁後、10cmシャーレ5枚を用い、5ml 1枚、2ml 2枚、0.2 ml 2枚に蒔き、G418 (GIBCO-BRL)を1200 μ g/mlを含む10mlの10%FBSを含むMEM培地にて培養を行い、2日毎に培地交換しながら、14日間培養し、遺伝子の安定導入株の選択を行う。該培地により生育してきたG418に耐性を示す細胞はクローニングリングを用いて回収する。回収した各クローンは10cmプレートでコンフルエントになるまで拡大培養を続ける。

ヘルパー細胞においてM蛋白質が高発現することが、高力価のウィルスを回収するためには重要である。そのためには、例えば上記のM発現細胞の選択を2回またはそれ以上行うことが好ましい。例えばある薬剤耐性マーカー遺伝子を持つM発現プラスミドをトランスフェクションし、その薬剤を用いてM遺伝子を保持する細胞を選択した後、別の薬剤耐性マーカー遺伝子を持つM発現プラスミドを再度、この細胞にトランスフェクションしこの別の薬剤耐性マーカーで細胞を選択することにより、1回目のトランスフェクションで選択された細胞よりも、さらにM蛋白質を高発現できる細胞を選択することが可能である。このように、2回のトランスフェクションを経て構築されたMヘルパー細胞を好適に用いることができる。Mヘルパー細胞は、同時にF遺伝子も発現することにより、FおよびM遺伝子の両方を欠損する感染性ウィルス粒子を産生させることができる (実施例参照)。この場合、F

遺伝子の発現プラスミドも2回以上トランスフェクションし、F蛋白質の発現誘導レベルをより高めることが好ましい。

M蛋白質の発現誘導は、細胞を6cmシャーレにてコンフルエントまで生育させた後、例えば、アデノウイルスAxCANCreを斉藤らの方法 (Saito et al., Nucl. Acids Res. 23: 3816-3821 (1995); Arai, T. et al., J. Virol. 72, 1115-1121 (1998)) により、好ましくは moi=3 程度で感染させて行う。

〈3〉 M欠失ウイルスの再構築及び増幅

野生型M蛋白質またはそれと同等の蛋白質を発現する細胞 (Mヘルパー細胞) を用いて組み換えM欠失型(-)鎖RNAウイルス粒子を産生させるには、この細胞内にM欠失型(-)鎖RNAウイルスのRNPを導入または形成させればよい。RNPの導入は、例えばRNPを含む細胞溶解物などをMヘルパー細胞にトランスフェクションしてもよいし、あるいはRNPを産生する細胞とMヘルパー細胞とを共培養することによっても、細胞融合によりMヘルパー細胞にRNPを導入することができる。あるいは、Mヘルパー細胞内で、ゲノムRNAを転写させ、N、P、およびL蛋白質の存在下でRNPを新規に形成させてもよい。M欠失型(-)鎖RNAウイルスゲノムcDNAからの組み換えウイルスベクターの再構成は、具体的には、(a) (-)鎖RNAウイルスに由来する、M遺伝子を欠失したネガティブ鎖RNAまたはその相補鎖 (ポジティブ鎖) をコードするベクターDNAを、NP、P、およびL蛋白質を発現する細胞 (ヘルパー細胞) で転写させる工程、(b) 該細胞あるいは該細胞から得られたウイルスベクターまたはそのRNP成分を導入した細胞を、該細胞あるいは該導入細胞の染色体に組み込まれたM遺伝子が発現する条件下で培養し、その培養上清からウイルス粒子を回収する工程、により製造することができる。本発明においては、特に工程 (b) における培養を許容温度以下であり、かつ35℃以下、より好ましくは34℃以下、さらに好ましくは33℃以下、最も好ましくは32℃またはそれ以下で行うことが好ましい。温度感受性変異M蛋白質を用いたベクター産生では、ウイルス粒子産生過程を許容温度以下で行うことが必要であるが、驚くべきことに、野生型M蛋白質を用い

た本方法においても、ウィルス粒子を形成させる過程を低温で行うことで効率的な粒子形成を行わせることが可能であることが判明した。工程（a）においてNP、P、およびL蛋白質を発現させるには、例えばこれらの蛋白質をコードする発現プラスミドを細胞にトランスフェクションすればよい。また、工程（a）において、M蛋白質を（Fおよび/またはHN遺伝子欠損型ウィルスの場合は、これらの遺伝子も）、ヘルパー細胞で発現させてもよい（実施例参照）。あるいは、工程（b）で用いるM遺伝子が染色体に組み込まれた細胞を工程（a）において使用することも可能である。工程（a）で産生されたRNPを工程（b）の細胞の導入するには、例えば工程（a）の細胞を凍結融解により破碎し、これを工程（b）の細胞に公知のトランスフェクション試薬を用いて導入することができる。

具体的には、例えば上記M欠失型(-)鎖RNAウィルスゲノムをコードするプラスミドを以下のようにしてLLC-MK2細胞にトランスフェクションする。T7 RNAポリメラーゼによりゲノムRNAの転写を行わせる場合には、LLC-MK2細胞を 5×10^6 cells/dish で 100mm ペトリ皿に蒔き、24時間培養後、ソラレンと長波長紫外線（365nm）で 20 分間処理したT7 RNAポリメラーゼを発現するリコンビナントワクシニアウィルス（PLWUV-VacT7: Fuerst, T.R. et al., Proc. Natl. Acad. Sci. USA 83, 8122-8126 (1986)）に室温で1時間感染させる（moi=2）（moi=2~3、好適にはmoi=2が用いられる）。ワクシニアウィルスへの紫外線照射には、例えば15ワットバルブを5本が装備された UV Stratalinker 2400（カタログ番号 400676 (100V), ストラタジーン社, La Jolla, CA, USA）を用いる。細胞を3回洗浄してからゲノムRNAを発現するプラスミド、およびNP、P、およびL蛋白質（選択的にM蛋白質等も）を発現するプラスミドをOptiMEM (GIBCO) に懸濁し、SuperFect transfection reagent (1 μ g DNA/5 μ l の SuperFect, QIAGEN) を入れて混合し、室温で10分間放置後、最終的に3% FBSを含むOptiMEM 3mlに入れ、細胞に添加して培養する。あるいは、ゲノムRNAを発現するプラスミド、およびそれぞれN、P、L、F、およびHN蛋白質を発現する発現プラスミド適当なりポフエクション試薬と用いてこ

の細胞にトランスフェクトしてもよい。プラスミドの量比は、例えば順に 6 : 2 : 1 : 2 : 2 : 2 とすることができるがこれに限定されない。3 ~ 5 時間培養後、細胞を、血清を含まないMEM で2回洗浄し、シトシンβ-D-アラビノフラノシド 40 μg/ml (AraC, Sigma), トリプシン 7.5 μg/ml (GIBCO) を含むMEMで24~70時間培養する。ここで、約 8.5×10^6 cells/dishあたりにM蛋白を持続発現する細胞 (Mヘルパー細胞) を重層し、40 μg/mLの AraC及び7.5 μg/mLのTrypsinを含むMEMで更に2日間37℃で培養してもよい。これらの細胞を回収し、ペレットをOptiMEM に懸濁する (10^7 cells/ml)。凍結融解を3回繰り返してlipofection reagent D0 SPER (Roche)と混合し (10^6 cells/25 μl DOSPER) 室温で15分放置した後、上記でクローニングしたM発現ヘルパー細胞にトランスフェクション (10^6 cells /well 12-well-plate) し、血清を含まないMEM (40 μg/ml AraC, 7.5 μg/ml トリプシンを含む) で培養し (好ましくは低温で)、上清を回収する。このとき、Lipofection reagent DOSPER などのトランスフェクション試薬の添加なしにトランスフェクションが可能である。さらにFおよび/またはHN蛋白質を欠失したウィルスベクターは、ゲノムからFおよび/またはHN遺伝子を欠失させ、ヘルパー細胞でFおよび/またはHN蛋白質を共発現させることにより製造することができる。

本発明の方法によれば、本発明のウィルスベクターは、例えば 1×10^5 CIU/mL 以上、好ましくは 1×10^6 CIU/mL以上、より好ましくは 5×10^6 CIU/mL以上、より好ましくは 1×10^7 CIU/mL以上、より好ましくは 5×10^7 CIU/mL以上、より好ましくは 1×10^8 CIU/mL以上、より好ましくは 5×10^8 CIU/mL以上の力価でウィルス産生細胞の細胞外液中に放出させることが可能である。ウィルスの力価は、本明細書および他に記載の方法により測定することができる (Kiyotani, K. et al., Virology 177(1), 65-74 (1990); W000/70070)。

M欠失型(一)鎖RNAウィルスゲノムcDNAから組み換えウィルスベクターを再構成させるためのより好ましい一態様としては、以下のような方法が挙げられる。すなわち、(a) (一)鎖RNAウィルスに由来する、M遺伝子を欠失したネガティブ鎖R

NAまたはその相補鎖（ポジティブ鎖）をコードするベクターDNAを、感染性ウィルス粒子の形成に必要なウィルス蛋白質群（すなわちNP、P、L、M、F、およびHN蛋白質）を発現する細胞（ヘルパー細胞）で転写させる工程、（b）該細胞と、染色体に組み込まれたM遺伝子が発現する細胞（Mヘルパー細胞）を共培養する工程、（c）該培養から細胞抽出物を調製する工程、（d）該抽出物を染色体に組み込まれたM遺伝子が発現する細胞（Mヘルパー細胞）に導入して培養する工程、および（e）該培養上清からウィルス粒子を回収する工程、を含む方法である。工程（d）は上記の低温条件にて行うことが好ましい。得られたウィルス粒子は、再度Mヘルパー細胞に感染させて（好ましくは低温で）増幅することができる。具体的には、実施例の記載に従ってウィルスを再構成させることができる。

ウィルス遺伝子欠損型ベクターを調製する場合、例えば、ベクターに含まれるウィルスゲノム上で欠損しているウィルス遺伝子が異なる2種またはそれ以上のベクターを同じ細胞に導入すれば、それぞれで欠損するウィルス蛋白質が、他のベクターからの発現により供給されるため、互いに相補しあって感染力のあるウィルス粒子が形成され、複製サイクルがまわりウィルスベクターが増幅される。すなわち、2種またはそれ以上の本発明のベクターを、ウィルス蛋白質を相補する組み合わせで接種すれば、それぞれのウィルス遺伝子欠損型ウィルスベクターの混合物を大量かつ低コストで生産することができる。これらのウィルスは、ウィルス遺伝子が欠損しているため、ウィルス遺伝子を欠損していないウィルスに比べゲノムサイズが小さくなりサイズの大きい外来遺伝子を保持することができる。また、ウィルス遺伝子の欠損により増殖性がないこれらのウィルスは細胞外で希釈され共感染の維持が困難であることから、不稔化するため、環境放出管理上の利点がある。

回収した（－）鎖RNAウィルスは実質的に純粋になるよう精製することができる。精製方法はフィルトレーション（濾過）、遠心分離、およびカラム精製等を含む公知の精製・分離方法またはその組み合わせにより行うことができる。「実質的

に純粋」とは、ウィルスが、それが存在する試料中の成分として主要な割合を占めることを言う。典型的には、実質的に純粋なウィルスベクターは、試料中に含まれる全蛋白質（但しキャリアーや安定剤として加えた蛋白質は除く）のうち、ウィルスベクター由来の蛋白質の割合が10%以上、好ましくは20%以上、より好ましくは50%以上、好ましくは70%以上、より好ましくは80%以上、さらに好ましくは90%以上を占めることにより確認することができる。(一)鎖RNAウィルスの具体的な精製方法としては、例えばセルロース硫酸エステルまたは架橋ポリサッカライド硫酸エステルを用いる方法（特公昭62-30752号公報、特公昭62-33879号公報、および特公昭62-30753号公報）、およびフコース硫酸含有多糖および/またはその分解物に吸着させる方法（W097/32010）等を例示することができる。

外来遺伝子として疾患の治療用遺伝子を用いてウィルスベクターを調製すれば、このベクターを投与して遺伝子治療を行うことが可能となる。本発明の方法により製造されたウィルスベクターの遺伝子治療への応用としては、直接（in vivo）投与による遺伝子発現、間接（ex vivo）投与による遺伝子発現のいずれの方法によっても、治療効果を期待できる外来遺伝子もしくは患者の体内で供給が不足している内在遺伝子等を発現させることが可能である。外来遺伝子としては特に制限はなく、蛋白質をコードする核酸に加え、例えば、アンチセンスまたはリボザイムなどの蛋白質をコードしない核酸であってもよい。

本発明の方法により製造された(一)鎖RNAウィルスベクターは、必要に応じて薬学的に許容される所望の担体または媒体と組み合わせて組成物とすることができる。「薬学的に許容される担体または媒体」とは、ベクターと共に投与することが可能であり、ベクターによる遺伝子導入を有意に阻害しない材料である。例えばベクターを生理食塩水やリン酸緩衝生理食塩水（PBS）などで適宜希釈して組成物とすることができる。(一)鎖RNAウィルスベクターを鶏卵で増殖させた場合等においては尿液を含んでよい。またベクターを含む組成物は、脱イオン水、5%デキストロース水溶液等の担体または媒体を含んでいてもよい。さらに、その他に

も、植物油、懸濁剤、界面活性剤、安定剤、殺生物剤等が含有されていてもよい。また保存剤やその他の添加剤を添加することができる。(一)鎖RNAウィルスベクターを含む組成物は試薬として、および医薬として有用である。

ベクターの投与量は、疾患、患者の体重、年齢、性別、症状、投与目的、投与組成物の形態、投与方法、導入遺伝子等により異なるが、当業者であれば適宜決定することが可能である。(一)鎖RNAウィルスベクターであれば、投与されるベクター量は好ましくは約 10^5 CIU/mlから約 10^{11} CIU/ml、より好ましくは約 10^7 CIU/mlから約 10^9 CIU/ml、最も好ましくは約 1×10^8 CIU/mlから約 5×10^8 CIU/mlの範囲内の量を薬学上容認可能な担体中で投与することが好ましい。ヒトにおいては1回当たりの投与量は 2×10^5 CIU～ 2×10^{10} CIUが好ましく、投与回数は、1回または臨床上容認可能な副作用の範囲で複数回可能であり、1日の投与回数についても同様である。ヒト以外の動物についても、例えば目的の動物とヒトとの体重比または投与標的部位の容積比（例えば平均値）で上記の投与量を換算した量を投与することができる。(一)鎖RNAウィルスベクターを含む組成物の投与対象としては、ヒト、サル、マウス、ラット、ウサギ、ヒツジ、ウシ、イヌなど全ての哺乳動物が含まれる。

図面の簡単な説明

図1は、M遺伝子に温度感受性変異を導入したF欠失型SeVゲノムcDNAの構築スキームを示す図である。

図2は、M遺伝子への温度感受性変異導入による2次放出粒子抑制を目的として構築したウィルス遺伝子及びその変異導入の効果を比較検討する為に構築した或いは使用したウィルス遺伝子の構造を示す図である。

図3は、SeV18+/ΔF-GFP或いはSeV18+/MtsHNtsΔF-GFPをF蛋白を持続発現する細胞(LLC-MK2/F7/A)に感染し、32℃及び37℃で6日間培養後のGFP発現を示す顕微鏡像を示す写真である。

図4は、SeV-F蛋白を持続発現する細胞（LLC-MK2/F7/A）について、32℃或いは37℃でtrypsin及び血清を含まないMEMで培養し経時的にF蛋白の発現量をWestern-blottingで半定量的に観測した結果を示す写真である。

図5は、LLC-MK2細胞にSeV18+GFP、SeV18+/ΔF-GFP或いはSeV18+/MtsHNts ΔF-GFPをm.o.i. 3で感染し32℃、37℃或いは38℃で培養し3日後のGFP発現を示す顕微鏡像を示す写真である。

図6は、LLC-MK2細胞にSeV18+GFP、SeV18+/ΔF-GFP或いはSeV18+/MtsHNts ΔF-GFPをm.o.i. 3で感染し32℃、37℃或いは38℃で培養し経時的にサンプリング（同時に新しい培地に交換）した培養上清の赤血球凝集活性（HA活性）を示す図である。

図7は、LLC-MK2細胞にSeV18+GFP、SeV18+/ΔF-GFP或いはSeV18+/MtsHNts ΔF-GFPをm.o.i. 3で感染し、37℃で培養2日後の培養上清及び細胞を回収して、1 lane 当り6 well plate培養1well分の1/10相当量を用いて、抗M抗体を利用したWestern-blottingにより求めた、細胞内とウィルス様パーティクル（VLP）間のM蛋白の存在比率を示す写真である。

図8は、LLC-MK2細胞にSeV18+SEAP/ΔF-GFP或いはSeV18+SEAP/MtsHNts ΔF-GFPをm.o.i. 3で感染し、培養12、18、24、50、120時間後にサンプリングした培養上清を用いて測定したSEAP活性を示す図である。

図9は、LLC-MK2細胞にSeV18+SEAP/ΔF-GFP或いはSeV18+SEAP/MtsHNts ΔF-GFPをm.o.i. 3で感染し、培養24、50、120時間後にサンプリングした培養上清のHA活性を示す図である。

図10は、LLC-MK2細胞にSeV18+SEAP/ΔF-GFP或いはSeV18+SEAP/MtsHNts ΔF-GFPをm.o.i. 3で感染し、培養5日後にサンプリングした培養上清について遠心後ウィルスを回収し、1 lane 当り6 well plate培養1well分の1/10相当量を用いて、抗M抗体を利用したWestern-blottingにより求めたウィルス様パーティクル量を示す写真である。

図 1 1 は、LLC-MK2, BEAS-2B 或いは CV-1 細胞に SeV18+ / Δ F-GFP 或いは SeV18+ / MtsHNts Δ F-GFP を m. o. i. 0.01, 0.03, 0.1, 0.3, 1, 3, 10 で感染し、血清を含まない或いは 10% FBS を含む培地で培養し、血清を含まない培地の場合は感染 3 日後に、10% FBS を含む培地の場合は感染 6 日後に、培地中に放出された LDH 量から見積った細胞障害性を示す図である。

図 1 2 は、LLC-MK2 細胞に SeV18+GFP, SeV18+ / Δ F-GFP 或いは SeV18+ / MtsHNts Δ F-GFP を m. o. i. 1 で感染し、32℃, 37℃ 或いは 38℃ で培養し、培養 2 日後に抗 M 抗体を利用して免疫染色を行うことにより求めた M 蛋白の細胞内局在を示す写真である。

図 1 3 は、A-10 細胞に SeV18+SEAP / Δ F-GFP 或いは SeV18+SEAP / MtsHNts Δ F-GFP を m. o. i. 1 で感染し、32℃ 或いは 37℃ で培養し、培養 1 日後に抗 M 抗体および抗 HN 抗体を利用して免疫染色を行い、共焦点レーザー顕微鏡を利用して観察した M 蛋白及び HN 蛋白の細胞内局在を示す写真である。ステレオ立体画像で示した。

図 1 4 は、A-10 細胞に SeV18+SEAP / Δ F-GFP 或いは SeV18+SEAP / MtsHNts Δ F-GFP を m. o. i. 1 で感染し、32℃ 或いは 37℃ で培養し、培養 2 日後に抗 M 抗体および抗 HN 抗体を利用して免疫染色を行い、共焦点レーザー顕微鏡を利用して観察した M 蛋白及び HN 蛋白の細胞内局在を示す写真である。ステレオ立体画像で示した。

図 1 5 は、M 蛋白及び HN 蛋白の細胞内局在に及ぼす微小管脱重合試薬の効果を示す写真である。A-10 細胞に SeV18+SEAP / MtsHNts Δ F-GFP を m. o. i. 1 で感染し、直後に微小管の脱重合試薬であるコルヒチン (colchicine) 或いはコルセミド (colcemide) を終濃度 1 μ M になるように添加し、32℃ で培養した。培養 2 日後に抗 M 抗体及び抗 HN 抗体を利用して免疫染色を行い、共焦点レーザー顕微鏡を利用して観察した M 蛋白及び HN 蛋白の細胞内局在を観察した。ステレオ立体画像で示した。

図 1 6 は、M 蛋白及び HN 蛋白の細胞内局在に及ぼす微小管脱重合試薬の効果を示す写真である。A-10 細胞に SeV18+ / Δ F-GFP 或いは SeV18+ / MtsHNts Δ F-GFP を m. o. i. 1 で感染し、直後に微小管の脱重合試薬である colchicine を終濃度 1 μ M にな

るように添加し、32℃或いは37℃で培養した。培養2日後に抗M抗体及び抗HN抗体を利用して免疫染色を行い、共焦点レーザー顕微鏡を利用して観察したM蛋白及びHN蛋白の細胞内局在を観察した。ステレオ立体画像で示した。

図17は、PおよびL遺伝子に変異を有するF欠失型SeVゲノムcDNAの構築スキームを示す図である。

図18は、PおよびL遺伝子に変異を有するF欠失型SeVを感染させた細胞からのウィルス2次放出を調べた結果を示す図である。「dF」はSeV18+/ΔF-GFP、「P86」はSeV18+/P86Lmut・ΔF-GFP、「P511」はSeV18+/P511Lmut・ΔF-GFPを表す。

図19は、PおよびL遺伝子に変異を有するF欠失型SeVの細胞障害性を調べた結果を示す図である。「P86」はSeV18+/P86Lmut・ΔF-GFP、「P511」はSeV18+/P511Lmut・ΔF-GFP、「DF」はSeV18+/ΔF-GFPを表す。

図20は、PおよびL遺伝子に変異を有するF欠失型SeVを導入したCV-1細胞における導入遺伝子(GFP)を発現する細胞数の変化を示す図である。「P86」はSeV18+/P86Lmut・ΔF-GFP、「P511」はSeV18+/P511Lmut・ΔF-GFP、「dF」はSeV18+/ΔF-GFPを表す。

図21は、PおよびL遺伝子に変異を有するF欠失型SeVを導入したCV-1細胞における導入遺伝子(GFP)の発現を示す写真である。「P86」はSeV18+/P86Lmut・ΔF-GFP、「P511」はSeV18+/P511Lmut・ΔF-GFP、「ΔF」はSeV18+/ΔF-GFPを表す。

図22は、PおよびL遺伝子に変異を有するF欠失型SeVを導入した細胞における導入遺伝子(SEAP)の発現レベルの持続性を示す図である。「NC」はベクター導入を行わない陰性対照、「dF」はSeV18+SEAP/ΔF-GFP、「p86」はSeV18+SEAP/P86Lmut・ΔF-GFP、「p511」はSeV18+SEAP/P511Lmut・ΔF-GFPを表す。

図23は、PおよびL遺伝子に変異を有するF欠失型SeV(SEAP遺伝子搭載型)のウィルス2次放出を調べた結果を示す図である。「dF」はSeV18+SEAP/ΔF-GFP、「p86」はSeV18+SEAP/P86Lmut・ΔF-GFP、「p511」はSeV18+SEAP/P511Lmut・ΔF-GF

P を表す。

図24は、PおよびL遺伝子に変異を有するF欠失型SeV（SEAP遺伝子搭載型）の細胞障害性を調べた結果を示す図である。「dF+SEAP」はSeV18+SEAP/ Δ F-GFP、「p86+SEAP」はSeV18+SEAP/P86Lmut・ Δ F-GFP、「p511+SEAP」はSeV18+SEAP/P511Lmut・ Δ F-GFPを表す。

図25は、MおよびHN遺伝子に温度感受性変異を有し、さらにPおよびL遺伝子に変異を有するF欠失型SeVのゲノム構造を示す図である。

図26は、M/HN遺伝子に温度感受性変異、P/L遺伝子に変異を有するF欠失型SeVのゲノムcDNAの構築スキームを示す図である。

図27は、M/HN遺伝子に温度感受性変異、P/L遺伝子に変異を有するF欠失型SeVのウィルス2次放出を調べた結果を示す図である。「dF」はSeV18+/ Δ F-GFP、「ts」はSeV18+/MtsHNts Δ F-GFP、「ts+86」はSeV18+/MtsHNts P86Lmut・ Δ F-GFP、「ts+511」はSeV18+/MtsHNts P511Lmut・ Δ F-GFPを表す。

図28は、M/HN遺伝子に温度感受性変異、P/L遺伝子に変異を有するF欠失型SeVの細胞障害性を調べた結果を示す図である。「dF」はSeV18+/ Δ F-GFP、「ts」はSeV18+/MtsHNts Δ F-GFP、「ts+86」はSeV18+/MtsHNts P86Lmut・ Δ F-GFP、「ts+511」はSeV18+/MtsHNts P511Lmut・ Δ F-GFPを表す。

図29は、M/HN遺伝子に温度感受性変異、P/L遺伝子に変異を有するF欠失型SeV（外来遺伝子搭載型）の外来遺伝子発現レベルを経時的に調べた結果を示す図である。「dF」はSeV18+SEAP/ Δ F-GFP、「ts+86」はSeV18+SEAP/MtsHNts P86Lmut・ Δ F-GFP、「ts+511」はSeV18+SEAP/MtsHNts P511Lmut・ Δ F-GFPを表す。

図30は、M/HN遺伝子に温度感受性変異、P/L遺伝子に変異を有するF欠失型SeV（外来遺伝子搭載型）の細胞障害性を経時的に調べた結果を示す図である。「dF」はSeV18+SEAP/ Δ F-GFP、「dF/ts+P86L」はSeV18+SEAP/MtsHNts P86Lmut・ Δ F-GFP、「dF/ts+P511L」はSeV18+SEAP/MtsHNts P511Lmut・ Δ F-GFPを表す。

図31は、EGFP遺伝子を有するM欠失型SeVゲノムcDNAの構築スキームを示す図

である。

図 3 2 は、F 及び M 両欠失型 SeV ゲノム cDNA の構築スキームを示す図である。

図 3 3 は、構築した F および/または M 欠失型 SeV 遺伝子の構造を示す図である。

図 3 4 は、hygromycin 耐性遺伝子を有する M 遺伝子発現プラスミドの構築スキームを示す図である。

図 3 5 は、クローニングした M (及び F) 蛋白を誘導発現する細胞について、Cre DNA リコンビナーゼを発現する組み換えアデノウィルス (AcCANCRe) を感染後、Western-blotting による M 及び F 蛋白の半定量的な発現比較を示す写真である。

図 3 6 は、ヘルパー細胞 (LLC-MK2/F7/M) クローン #18 及び #62 を用いた M 欠失型 SeV (SeV18+/ΔM-GFP) のウィルス再構成を示す写真である。

図 3 7 は、SeV18+/ΔM-GFP のウィルス生産性 (CIU と HAU の経時変化) を示す図である。

図 3 8 は、SeV18+/ΔM-GFP のビリオン中の遺伝子構造確認の為に RT-PCR の結果を示す写真および図である。

図 3 9 は、SeV18+/ΔM-GFP のウィルス構造を蛋白の視点から確認する為に、LLC-MK2 細胞に感染後の細胞及び培養上清中のウィルス蛋白について Western-blotting を行い、SeV18+GFP 及び SeV18+/ΔF-GFP との比較結果を示す写真である。

図 4 0 は、SeV18+/ΔM-GFP 及び SeV18+/ΔF-GFP 感染 LLC-MK2 細胞培養上清中のウィルス由来蛋白の定量比較 (希釈系列を作製して Western-blotting) を示す写真である。抗 SeV 抗体 (DN-1) を用いた。

図 4 1 は、SeV18+/ΔM-GFP 或いは SeV18+/ΔF-GFP を LLC-MK2 に m. o. i. 3 で感染し、経時的に回収した培養上清中の HA 活性を示す図である。

図 4 2 は、SeV18+/ΔM-GFP 或いは SeV18+/ΔF-GFP を LLC-MK2 に m. o. i. 3 で感染し、感染 5 日後の蛍光顕微鏡像を示す写真である。

図 4 3 は、SeV18+/ΔM-GFP 或いは SeV18+/ΔF-GFP を LLC-MK2 に m. o. i. 3 で感染し、感染 5 日後に回収した培養上清について、カチオニックリポソーム (Dosper)

を用いてLLC-MK2にトランスフェクションした2日後の蛍光顕微鏡像を示す写真である。

図44は、F及びM欠失型SeV (SeV18+/ Δ M Δ F-GFP) のウィルス再構成を示す写真である。

図45は、M及びF両発現細胞 (LLC-MK2/F7/M62/A) にSeV18+/ Δ M-GFP或いはSeV18+/ Δ F-GFPを感染し、感染3日後及び5日後の蛍光顕微鏡像を示す写真である。

図46は、zeocin選択マーカーを持つ、MまたはF遺伝子の誘導発現ベクターの構築スキームを示す図である。

図47は、M/F発現ヘルパー細胞におけるM蛋白質およびF蛋白質の発現を調べた結果を示す写真である。

図48は、GFP遺伝子を持つM/F欠失型SeVを導入した細胞におけるGFPの発現を示す写真である。

図49は、GFP遺伝子を持つM/F欠失型SeVの産生細胞からのウィルスの産生を調べた結果を示す図である。

図50は、M/F欠失型SeVのゲノム構造をRT-PCRにより確認した結果を示す写真である。「dF」はSeV18+/ Δ F-GFP、「dM」はSeV18+/ Δ M-GFP、「dMdF」はSeV18+/ Δ M Δ F-GFPを表す。

図51は、M/F欠失型SeVを導入した細胞におけるM蛋白質およびF蛋白質の発現の欠失を確認した結果を示す写真である。

図52は、M/F欠失型SeVを導入した細胞からのウィルス2次放出の有無をHA活性により調べた結果を示す図である。

図53は、M/F欠失型SeVを導入した細胞からのウィルス2次放出の有無を、培養上清のトランスフェクションにより調べた結果を示す写真である。

図54は、M/F欠失型SeVおよびM欠失型SeVの脳皮質神経細胞への感染能を調べた結果を示す写真である。

図55は、M/F欠失型SeVおよびM欠失型SeVのスナネズミ脳へのインビボ投与後

の導入遺伝子の発現を示す写真である。

図56は、M/F欠失型SeVおよびM欠失型SeVの感染価依存的な細胞障害性を調べた結果を示す図である。「付加」は複製能を持ったSeV (SeV18+GFP)、「dF」はSeV18+/ΔF-GFP、「dM」はSeV18+/ΔM-GFP、「dMdF」はSeV18+/ΔMΔF-GFPを表す。

発明を実施するための最良の形態

以下、実施例により本発明をさらに詳細に説明するが、本発明はこれら実施例に制限されるものではない。なお、本明細書中に引用された文献は、本明細書の一部として組み込まれる。

[実施例1] 温度感受性変異導入F欠失型SeVゲノムcDNAの構築

下記記載の温度感受性変異導入F欠失型SeVゲノムcDNAの構築のスキームを図1に表した。F欠失部位にEGFP遺伝子を搭載したF欠失型センダイウィルス全長ゲノムcDNA (pSeV18+/ΔF-GFP: Li, H.-O. et al., J. Virology 74, 6564-6569 (2000), W000/70070) をNaeIで消化し、M遺伝子を含む断片 (4922bp) をアガロース電気泳動で分離、該当するバンドを切り出し、QIAEXII Gel Extraction System (QIAGEN, Bothell, WA) で回収し、pBluescript II (Stratagene, La Jolla, CA) のEcoRVサイトにサブクローニングした (pBlueNaeIfrg-ΔFGFPの構築)。M遺伝子への温度感受性変異導入はこのpBlueNaeIfrg-ΔFGFP上で、QuikChange™ Site-Directed Mutagenesis Kit (Stratagene, La Jolla, CA) を利用してKitに記載の方法に従って行った。M遺伝子上への変異導入の種類はKondoらが報告しているCl. 151 strain (Kondo, T. et al., J. Biol. Chem. 268: 21924-21930 (1993)) の配列を利用し、G69E, T116A及び A183Sの3箇所の変異導入を行った。変異導入に使用した合成オリゴの配列は、G69E (5'-gaaacaacaaccaatctagagagcgtatctgacttgac-3' / 配列番号: 4, 5'-gtcaagtcagatagcgtctctagattgggtgtttgtttc-3' / 配列番号: 5)、T116A (5'-attacggtgaggagggtgttcgagcaggag-3' / 配列番号: 6, 5'-ct

cctgctcgaacagcccctcaccgtaat-3' / 配列番号 : 7) 及び A183S (5'-ggggcaatccatataccaagatcccaaagacc-3' / 配列番号 : 8, 5'-ggctctttgggaiccttggatatggigattgcccc-3' / 配列番号 : 9) である。

M遺伝子上に3箇所の変異を有するpBlueNaeIfrg-ΔFGFPをSalIで消化後ApaLIで部分消化を行い、全M遺伝子を含むフラグメント(2644bp)を回収した。一方でpSeV18+/ΔF-GFPをApaLI/NheIで消化してHN遺伝子を含む断片(6287bp)を回収し、この2種の断片をLitmus38 (New England Biolabs, Beverly, MA) のSalI/NheIサイトにサブクローニングした(LitmusSalI/NheIfrg-MtsΔFGFPの構築)。HN遺伝子への温度感受性変異導入はこのLitmusSalI/NheIfrg-MtsΔFGFP上で、M遺伝子への変異導入時と同様にQuikChange™ Site-Directed Mutagenesis Kitを利用してKitに記載の方法に従って行った。HN遺伝子上への変異導入の種類はThompsonらが報告しているts271 strain (Thompson, S.D. et al., Virology 160: 1-8 (1987))の配列を利用し、A262T, G264R及びK461Gの3箇所の変異導入を行った。変異導入に使用した合成オリゴの配列は、A262T/G264R (5'-catgctctgttggtgacaacccggactagggttatca-3' / 配列番号 : 10, 5'-tgataacccctagtcgggtgtgcaccacagagcatg-3' / 配列番号 : 11)、及び K461G (5'-cttgtctagaccaggaaatgaagagtgaatttggtacaata-3' / 配列番号 : 12, 5'-tattgtaccaattgcactcttcatticcttggtctagacaag-3' / 配列番号 : 13) である。今回はM或いはHN遺伝子への変異導入を別々のベクター上で行ったが、pSeV18+/ΔF-GFPをSalI/NheIで消化し得られるM及びHN遺伝子を含むフラグメント(8931bp)をLitmus38のSalI/NheIサイトにサブクローニングして得られるプラスミド(LitmusSalI/NheIfrg-ΔFGFP)を利用して、M及びHN遺伝子への全変異を導入することは可能である。このようにして順次変異導入を行い、M遺伝子上に3箇所、HN遺伝子上に3箇所の計6箇所の温度感受性変異を導入した(LitmusSalI/NheIfrg-MtsHNtsΔFGFPの構築)。

LitmusSalI/NheIfrg-MtsHNtsΔFGFPをSalI/NheIで消化して回収したフラグメント(8931bp)と、またpSeV18+/ΔF-GFPをSalI/NheIで消化して回収したM及びHN等

遺伝子を含まないフラグメント (8294bp) をライゲーションして、M及びHN遺伝子に6箇所の温度感受性変異を有し、F欠失部位にEGFP遺伝子を搭載したF欠失型センドライウィルス全長ゲノムcDNA (pSeV18+/MtsHNts Δ F-GFP) を構築した (図2)。

更に、搭載遺伝子発現量の定量を行う為に、分泌型アルカリホスファターゼ (SEAP) 遺伝子を搭載したcDNAの構築も行った。即ち、SEAP遺伝子の下流に終止シグナル-介在配列-開始シグナルを有するSEAP断片 (W000/70070) をNotIで切り出し (1638bp)、電気泳動後回収・精製し、pSeV18+/ Δ F-GFP及びpSeV18+/MtsHNts Δ F-GFPのNotIサイトに組み込んだ。それぞれ、pSeV18+SEAP/ Δ F-GFP及びpSeV18+SEAP/MtsHNts Δ F-GFPとした (図2)。

[実施例2] 温度感受性変異導入ウィルスの再構成と増幅

ウィルスの再構成はLiらの報告 (Li, H.-O. et al., J. Virology 74. 6564-6569 (2000), W000/70070) に従って行った。F欠失型であるのでF蛋白のヘルパー細胞を利用するが、当該ヘルパー細胞作製にはCre/loxP発現誘導システムを利用している。当該システムはCre DNA リコンビナーゼにより遺伝子産物を誘導発現するように設計されたプラスミドpCALNdLw (Arai, T. et al., J. Virol. 72: 1115-1121 (1998)) を利用したものであり、同プラスミドのトランスフォーマントにCre DNAリコンビナーゼを発現する組み換えアデノウィルス (AxCANCre) をSaitoらの方法 (Saito, I. et al., Nucl. Acid. Res. 23, 3816-3821 (1995), Arai, T. et al., J. Virol. 72, 1115-1121 (1998)) で感染させて挿入遺伝子を発現させる。SeV-F蛋白の場合、F遺伝子を有する同トランスフォーマント細胞をLLC-MK2/F7と記載し、AxCANCreで誘導後F蛋白を持続発現している細胞をLLC-MK2/F7/Aと記載することにする。

温度感受性変異導入ウィルスの再構成は以下のように行った。LLC-MK2細胞を 5×10^6 cells/dishで100mmのシャーレに播き、24時間培養後、ソラレン (psoralen) と長波長紫外線 (365nm) で20分間処理したT7ポリメラーゼを発現するリコンビ

ナントワクシニアウイルス (PLWUV-VacT7: Fuerst, T.R. et al., Proc. Natl. Acad. Sci. USA 83, 8122-8126 (1986)) を室温で1時間感染させた (m.o.i. 2) 。細胞を血清を含まないMEMで洗浄した後、プラスミドpSeV18+/MtsHNts Δ F-GFP, pGEM/NP, pGEM/P, pGEM/L及びpGEM/F-HN (Kato, A. et al., Genes Cells 1, 569-579 (1996)) をそれぞれ12 μ g, 4 μ g, 2 μ g, 4 μ g及び4 μ g/dishの量比でOpti-MEM (Gibco-BRL, Rockville, MD) に懸濁し、1 μ g DNA/5 μ L相当のSuperFect transfection reagent (Qiagen, Bothell, WA) を入れて混合し、室温で15分間放置後、最終的に3% FBSを含むOpti-MEM 3mLに入れ、細胞に添加して培養した。5時間培養後血清を含まないMEMで2回洗浄し、40 μ g/mLの Cytosine β -D-arabino furanose (AraC: Sigma, St.Louis, MO) 及び7.5 μ g/mLのTrypsin (Gibco-BRL, Rockville, MD) を含むMEMで培養した。24時間培養後、 8.5×10^6 cells/dishあたりにF蛋白を持続発現する細胞 (LLC-MK2/F7/A: Li, H.-O. et al., J. Virology 74, 6564-6569 (2000), W000/70070) を重層し、40 μ g/mLの AraC及び7.5 μ g/mLのTrypsinを含むMEMで更に2日間37℃で培養した (P0) 。これらの細胞を回収し、ペレットを2mL/dishあたりの Opti-MEMに懸濁した。凍結融解を3回繰り返した後、ライゼートをそのままLLC-MK2/F7/Aにトランスフェクションし、40 μ g/mLの AraC及び7.5 μ g/mLのTrypsinを含み血清を含まないMEMを用い32℃で培養した (P1) 。5～7日後培養上清の一部をとり、新たに調製したLLC-MK2/F7/Aに感染させ、同40 μ g/mLの AraC及び7.5 μ g/mLのTrypsinを含み血清を含まないMEMを用い32℃で培養した (P2) 。3～5日後に新たに調製したLLC-MK2/F7/Aに再度感染させ、7.5 μ g/mLのTrypsinのみを含み血清を含まないMEMを用い32℃で3～5日間培養した (P3) 。回収した培養上清に終濃度1%になるようにBSAを添加し-80℃にて保存した。保存ウイルス液を解凍し、その後の実験に供した。

この方法で調製した各ウイルス溶液のタイターはSeV18+/ Δ F-GFP, SeV18+/MtsHNts Δ F-GFP, SeV18+SEAP/ Δ F-GFP及びSeV18+SEAP/MtsHNts Δ F-GFPでそれぞれ、 3×10^8 , 7×10^7 , 1.8×10^8 及び 8.9×10^7 GFP-CIU/mL (GFP-CIUの定義はW000/70070

に記載)であった。これらのタイターを測定する際、SeV18+/ΔF-GFP及びSeV18+/MtsHNtsΔF-GFPについて、F蛋白を持続発現する細胞(LLC-MK2/F7/A)に感染後のプラークの広がりやを32℃及び37℃で観察した。感染6日後の写真を図3に示したが、SeV18+/MtsHNtsΔF-GFPは32℃ではある程度プラークの広がりがあるものの37℃では激減しており、ビリオン形成の減少が示唆された。

〔実施例3〕 ウィルス再構成における培養温度(32℃)の効果

実施例2で示した温度感受性導入ウィルスの再構成実験において、P1以降の温度を32℃で行った。これは温度感受性変異を導入するにあたって変異の参考にしたウィルスが32℃での生育が良い(Kondo, T. et al., J. Biol. Chem. 268: 21924-21930 (1993), Thompson, S.D. et al., Virology 160: 1-8 (1987))ことから試みたものであるが、当該実験条件を詳細に観察することで、SeV再構成にあたっては(温度感受性変異導入ウィルス以外でも)、P1以降で32℃で行うことで再構成効率が上昇し、従来取れ難かったものでも回収できるようになる可能性が高いことが明らかになった。

32℃でウィルス再構成効率が上昇する理由として2点考えられる。まず、ワクシニアウィルスの増幅を抑制する為に添加しているAraCによる細胞毒性が、32℃での培養の方が抑制されていると考えられる点である。再構成時の条件である、40 μg/mLのAraC及び7.5 μg/mLのTrypsinを含み血清を含まないMEMを用いてLLC-MK2/F7/Aを培養した場合、37℃では3-4日後で既に細胞障害が惹起され剥がれた細胞が増えてくるのに対し、32℃で培養した場合は7-10日は十分に培養継続が可能であり細胞が維持されている。転写複製効率の良くない或いは感染性ビリオン形成効率の良くないSeVを再構成する場合、培養継続期間は再構成の可否に直接反映されると考えられる。2点目は32℃で培養した場合にはLLC-MK2/F7/AにおけるF蛋白の発現が維持されている点である。F蛋白を持続発現する細胞(LLC-MK2/F7/A)を6 wellプレートに10% FBSを含むMEMでコンフルエントになるまで37℃で培養後、7.5 μg/mLのTrypsinを含み血清を含まないMEMに置換し32℃或いは37℃で培養し、

経時的にセルスクレーパーで細胞を回収した後、抗F抗体（マウスモノクローナル）を利用したWestern-blottingを行うことで、細胞内のF蛋白質を半定量的に解析した。37℃では2日間は発現が維持されているもののそれ以降は減少していたが、32℃では少なくとも8日間はF蛋白の発現が維持されていた（図4）。この点からも32℃での再構成（P1以降）の有効性が確認された。

上記Western-blottingは以下の方法で行った。6 wellプレートの1wellから回収した細胞を-80℃で凍結保存後、1xに希釈したSDS-PAGE用サンプルバッファー（Red Loading Buffer Pack; New England Biolabs, Beverly, MA）100 μ Lで溶解し、98℃で10分間加熱した。遠心後、上清10 μ LをSDS-PAGEゲル（マルチゲル10/20; Daiichi Pure Chemicals Co., Ltd, Tokyo, Japan）にロードした。15mMで2.5時間泳動後、PVDF膜（Immobilon PVDF transfer membrane; Millipore, Bedford, MA）にセミドライ法にて100mAで1時間転写した。転写膜をブロッキング溶液（Block Ace; Snow Brand Milk Products Co., Ltd, Sapporo, Japan）で4℃1時間以上放置した後、10% Block Aceを含み抗F抗体を1/1000容量添加した一次抗体溶液に浸し、4℃で一晩放置した。0.05% Tween20を含むTBS（TBST）で3回、更にTBSで3回洗浄した後、10% Block Aceを含みHRPを結合した抗マウスIgG+IgM抗体（Goat F(ab')₂ Anti-Mouse IgG+IgM, HRP; BioSource Int., Camarillo, CA）を1/5000容量添加した二次抗体溶液に浸し、室温で1時間振盪した。TBSTで3回、TBSで3回洗浄した後、化学発光法（ECL western blotting detection reagents; Amersham pharmacia biotech, Uppsala, Sweden）により検出した。

〔実施例4〕 温度感受性変異導入ウィルスの2次放出粒子定量（HA assay, Western-Blotting）

SeV18+/ Δ F-GFP, SeV18+/MtsHNts Δ F-GFPと共に、全てのウィルス蛋白を有する自立複製型でNotI部位にGFP遺伝子とその下流に終止シグナル-介在配列-開始シグナルを有するGFP断片（780bp）を搭載したSeV（SeV18+GFP：図2）を用いて比較を行った。

6well plateにおいてコンフルエントに増殖させたLLC-MK2細胞に、 3×10^7 CIU/mLの各ウィルス溶液を1wellあたり100 μ Lを添加して (m. o. i. 3) 1時間感染し、MEMで洗浄後、1wellあたり1mLの血清を含まないMEMを添加して32℃、37℃及び38℃の各温度で培養した。1日毎にサンプリングし、サンプリング後直ぐに血清を含まない新しいMEM1mLを添加して経時的に培養・サンプリングを行った。感染3日後に蛍光顕微鏡下でGFP発現の観察を行った所3種のウィルス共に、また32℃、37℃及び38℃の全ての条件において、ほぼ同程度に感染し、また類似したGFPの発現があると予想された (図5)。

2次放出粒子は赤血球凝集活性 (HA活性) で定量し、Katoらの方法 (Kato, A. et al., Genes Cell 1, 569-579 (1996)) に倣って行った。即ち、丸底の96穴プレートを使用し、ウィルス液を段階的にPBSで希釈し各well 50 μ Lの2倍希釈系列を作製した。その50 μ Lに1%濃度にPBSで希釈したニワトリ保存血 (コスモバイオ, Tokyo, Japan) 50 μ Lを混合し、4℃で1時間放置し赤血球の凝集を観察し、凝集したものの中で最もウィルス希釈率の高いものの希釈率をHA活性として判定した。また、1HAUを 1×10^6 ウィルスと換算して、ウィルス数で表した (図6)。SeV18+/MtsHNts Δ F-GFPで2次放出粒子がかなり減少し、37℃でSeV18+/ Δ F-GFPの約1/10に減少していると判断された。また、SeV18+/MtsHNts Δ F-GFPは、32℃でもウィルス粒子形成は減少しているが、少ないながらもある程度は粒子があるので、生産が可能になっていると考えられた。

別の観点からの2次放出粒子の定量として、Western-Blottingによる定量を行った。上記と同じようにLLC-MK2細胞にm. o. i. 3で感染後、感染2日後に培養上清と細胞を回収し、培養上清は48,000gで45分間遠心しウィルス蛋白を回収した。SDS-PAGE後、Western-Blottingを行い、抗M抗体で検出した。抗M抗体は新たに調製したポリクローナル抗体であり、SeV-M蛋白質の1-13 (MADIYRFPKFSYE+Cys/配列番号: 14), 23-35 (LRTGPDKKAIPH+Cys/配列番号: 15) 及び336-348 (Cys+NVAKNIGIRIKL/配列番号: 16) の合成ペプチドを3種混合して免疫したウサギ

血清から調製したものである。Western-Blottingは実施例3に記載の方法で行い、一次抗体の抗M抗体は1/4000希釈、二次抗体のHRPを結合した抗ラビットIgG抗体 (Anti-rabbit IgG (Goat) H+L conj.; ICN P., Aurola, OH) は1/5000容量に希釈したものを使用した。SeV18+/MtsHNts Δ F-GFPでは、細胞中にはM蛋白が同程度に多く発現しているのに対しvirusの蛋白量が減少しており (図7)、Western-Blottingの手法によっても、当該ウィルスに於いて2次放出粒子が減少していることが確認された。

〔実施例5〕 温度感受性変異導入ウィルスの搭載遺伝子発現量 (SEAP assay)

SeV18+/MtsHNts Δ F-GFPにおいて2次放出粒子が減少しているが、それと同時に搭載遺伝子の発現量が減少しては遺伝子発現ベクターとしては意味のない改變になってしまうので、その発現量について検証を行った。SeV18+SEAP/ Δ F-GFP及びSeV18+SEAP/MtsHNts Δ F-GFPをLLC-MK2細胞にm. o. i. 3で感染後、経時的に (感染 12, 18, 24, 50, 120時間後) 培養上清を回収し、上清中のSEAP活性をReporter Assay Kit-SEAP (TOYOBO, Osaka, Japan) を利用してKitに記載の方法に従って行った。SEAP活性は両者間での差が殆どなかった (図8)。また同サンプルについて赤血球凝集活性 (HA活性) を測定したが、HA活性はSeV18+SEAP/MtsHNts Δ F-GFPでやはり約1/10に減少していた (図9)。また、同サンプルのウィルスを48,000gで45分間遠心しウィルス蛋白を回収した後、Western-Blottingで抗M抗体を利用して半定量的に解析した。この場合も、上清中のウィルス蛋白の減少が確認された (図10)。温度感受性変異の導入によって、搭載遺伝子の発現量を殆ど減少することなく、2次放出粒子を約1/10に減少できたと判断された。

〔実施例6〕 温度感受性変異導入ウィルスの細胞障害性 (LDH assay)

SeV感染によって細胞が障害を受ける場合も多い。この点に関して、変異導入による影響を調べた。LLC-MK2, BEAS-2B及びCV-1細胞をそれぞれ 2.5×10^4 cells/well (100 μ L/well) で96well plateに播き培養した。培養にはLLC-MK2及びCV-1には10% FBSを含むMEMを、BEAS-2Bには10% FBSを含むD-MEM及びRPMI (Gibco-BRL, R

ockville, MD) の 1 : 1 混合液を使用した。24時間培養後、1% BSAを含むMEMで希釈したSeV18+/ΔF-GFP或いはSeV18+/MtsHNtsΔF-GFP溶液を5μL/wellで添加し感染させ、6時間後ウィルス液を含む培地を除き、10% FBSを含む或いは含まない各培地に置き換えた。FBSを含まない培地の場合は感染3日後に、FBSを含む培地の場合は感染6日後に培養上清をサンプリングし、Cytotoxicity Detection Kit (Roche, Basel, Switzerland) を利用してKitに記載の方法に従って細胞障害性の定量を行った。LLC-MK2では両者ともに細胞障害は観察されなかった。またCV-1及びBEAS-2Bにおいては、SeV18+/MtsHNtsΔF-GFPの細胞障害性はSeV18+/ΔF-GFPと同等以下であると判断された(図11)。即ち、温度感受性変異導入での2次放出粒子の抑制による細胞障害性の惹起はないと結論した。

[実施例7] 2次放出粒子抑制メカニズムの検討

温度感受性変異導入によって2次粒子抑制が可能となったメカニズムの一端を調べる為に、M蛋白の細胞内局在について調べた。各SeV (SeV18+GFP, SeV18+/ΔF-GFP, SeV18+/MtsHNtsΔF-GFP) をLLC-MK2細胞にそれぞれ感染し、32℃、37℃或いは38℃で培養し2日後に抗M抗体を利用して免疫染色を行った。免疫染色は以下の方法で行った。培養細胞をPBSで1回洗浄した後、-20℃に冷却したメタノールを添加し4℃で15分間固定した。PBSで3回洗浄後、2% Goat Serum及び0.1% Tritonを含むPBS溶液で室温1時間Blockingを行った。再度PBSで3回洗浄後、2% Goat Serumを含む一次抗体溶液(10μg/mL抗M抗体)で37℃30分間反応した。PBSで3回洗浄後、2% Goat Serumを含む二次抗体溶液(10μg/mL Alexa Fluor 488 goat anti-rabbit IgG(H+L) conjugate: Molecular Plobes, Eugene, OR)で37℃15分間反応した。最後にPBSで3回洗浄後、蛍光顕微鏡下で観察した。自立複製型でF, HN両蛋白を有するSeV18+GFPでは、検討した何れの温度においても細胞表面でのM蛋白の濃縮像が観察された(図12)。このようなM蛋白の濃縮像に関しては既に報告されており(Yoshida, T. et al., Virology 71: 143-161 (1976))、ピリオン形成の場所を反映していると考えられている。即ちSeV18+GFPにおいては、何れの温度に

においてもM蛋白の細胞表面への局在が正常であり、十分量のビリオンが形成していることを示していると考えられる。一方SeV18+/ΔF-GFPでは、38℃においてM蛋白の濃縮像が極端に減少した。M蛋白はF及びHN蛋白のそれぞれのCytoplasmic tailに結合して、細胞表面へ局在すると考えられており (Sanderson, C.M. et al., J. Virology 68: 69-76 (1994)、Ali, A. et al., Virology 276: 289-303 (2000))、SeV18+/ΔF-GFPではその一方のF蛋白を欠失している為、M蛋白の局在に影響していると考えられる。また、SeV18+/MtsHNts ΔF-GFPではその影響が強く出て、37℃でさえM蛋白の局在に支障が出て、結果的に2次放出粒子減少に繋がったものと予想された。

[実施例8] 2次放出粒子抑制メカニズムの検討(2)

細胞内におけるSeV蛋白の細胞内局在をより詳細に調べるために、共焦点レーザー顕微鏡 (MRC1024; Bio-Rad Laboratories Inc., Hercules, CA) による解析を実施した。SeV18+SEAP/ΔF-GFP及びSeV18+SEAP/MtsHNts ΔF-GFPをA-10細胞 (rat myoblast) にそれぞれ感染し (m. o. i. 1)、32℃或いは37℃で10%血清を含むMEMで培養し、1日後及び2日後に抗M抗体及び抗HN抗体を利用して免疫染色を行った。免疫染色は以下の方法で行った。培養感染細胞をPBSで1回洗浄した後、-20℃に冷却したメタノールを添加し4℃で15分間固定した。PBSで3回洗浄後、2% Goat Serum, 1% BSA及び0.1% Tritonを含むPBS溶液で室温1時間ブロッキングを行った。2% Goat Serumを含むMの一次抗体溶液 (10 μg/mL 抗M抗体) で37℃30分間反応し、更にHNの一次抗体溶液 (1 μg/mL 抗HN抗体 (IL4-1)) で37℃30分間反応した。PBSで3回洗浄後、2% Goat Serumを含む二次抗体溶液 (10 μg/mL Alexa Fluor 568 goat anti-rabbit IgG(H+L) conjugate 及び 10 μg/mL Alexa Fluor 488 goat anti-mouse IgG(H+L) conjugate: Molecular Plobes, Eugene, OR) で37℃15分間反応した。PBSで3回洗浄後、核を染色するために1/4000に希釈したTO_PRO3 (Molecular Plobes, Eugene, OR) を添加後室温で15分間放置し、最後に消光を抑えるために、Slow Fade Antifade Kit (Molecular Plobes, Eugene, OR) の溶液に置換し、

共焦点レーザー顕微鏡下で観察した。感染1日後の結果を図13に示したが、赤色がM蛋白、緑色がHN蛋白の局在を示し、共存している場合には黄色に表される。また遠赤色を色変換しているので青色が核である。SeV18+SEAP/ Δ F-GFPの場合は、32℃、37℃何れの温度においても各蛋白の局在に大きな違いはなく、細胞表面へのM蛋白及びHN蛋白の局在が観察されている。一方SeV18+SEAP/MtsHNts Δ F-GFPの場合は、両温度ともに各蛋白質の局在にSeV18+SEAP/ Δ F-GFPの場合と比べ違いがあり、細胞表面でのM蛋白の局在がほとんどない。特に37℃の場合は、M蛋白とHN蛋白がほぼ完全に分離し、M蛋白は微小管（microtubule）の中心体付近（すなわちゴルジ体付近）とも予想される部分に局在して存在している。感染後2日間培養した場合も同様の結果が得られており、特にSeV18+SEAP/MtsHNts Δ F-GFP感染細胞においては、M蛋白の細胞内局在に感染1日後と変化がなく（図14）、それぞれの位置で移動が止まっているように見える。この結果によっても、温度感受性変異導入ウィルスで二次放出粒子が減少しているのは、粒子形成の中心的な役割を担っていると考えられているM蛋白の局在不全であると断定された。

また、SeV18+SEAP/MtsHNts Δ F-GFP感染後32℃で培養した場合、M蛋白が微小管の形態に近い形で染色されている（図13）。実際に微小管の関与を証明するために、微小管の脱重合を促進する薬剤を添加し、M蛋白（及びHN蛋白）の局在の変化を調べた。SeV18+SEAP/MtsHNts Δ F-GFPをA-10にm.o.i. 1で感染後、直後に脱重合試薬であるcolchicine（Nakarai Tesque, Kyoto, Japan）或いはcolcemide（Nakarai Tesque, Kyoto, Japan）を終濃度1 μ M添加し、32℃で培養した。感染2日後に上述と同じ方法で、M蛋白、HN蛋白の細胞内局在を観察した。脱重合試薬を添加しない場合は、M蛋白は微小管様形態に似た分布を示した（図13）のに対し、脱重合試薬を添加することで、その構造が壊れ、大きな繊維状構造体として検出された（図15）。この構造は、M蛋白そのものが凝集したものか或いは脱重合した微小管の残骸にM蛋白が結合している可能性があるが、何れにしても図13に見られる、SeV18+SEAP/MtsHNts Δ F-GFP感染後32℃で培養した場合のM蛋白は、

微小管に沿って局在している可能性が高いと判断された。

上記の微小管へのM蛋白の局在が温度感受性ウィルスの特有のものか否かを調べるために、SeV18+/ΔF-GFP及びSeV18+/MtsHNts ΔF-GFPの両ウィルスについて、感染後のM蛋白（及びHN蛋白）の局在変化に対する微小管脱重合試薬（colchicine）の影響を調べた。SeV18+/ΔF-GFP或いはSeV18+/MtsHNts ΔF-GFPをA-10にm. o. i. 1で感染後、直後に脱重合試薬であるcolchicineを終濃度 1 μM 添加し、32℃或いは37℃で培養した。感染2日後に上述と同じ方法で、M蛋白（及びHN蛋白）の細胞内局在を観察した。結果を図16に示すが、両ウィルス感染細胞共に類似の現象を示した。即ち、感染後32℃で培養した場合は図15と同様に大きな繊維状構造体として観察された。SeV18+/ΔF-GFPの場合もM蛋白は微小管と共存している可能性が示唆された。更に、37℃においては特にSeV18+/MtsHNts ΔF-GFP感染細胞において、ゴルジ体付近と予想される部位に局在して観察された。

以上の結果から、以下のことが推察される。M蛋白はゴルジ体付近で合成され、主にF及びHN蛋白のそれぞれのCytoplasmic tailに結合した状態（Sanderson, C.M. et al., J. Virology 68: 69-76 (1994)、Ali, A. et al., Virology 276: 289-303 (2000)）で微小管に沿って（例えばキネシンのようなモーター蛋白に結合して）細胞内を移動し、細胞表面へ局在し粒子形成が達成される。温度感受性変異を導入したウィルスにおいては、32℃においては微小管に沿った細胞内移動までは正常であるが、微小管から細胞表面へ局在する段階で不具合が生じ、微小管に沿っての局在が観察されていると考えることができる。37℃においては微小管に沿った細胞内移動さえ不具合が生じ、ゴルジ体付近で局在が観察されていると捉えることができる。M蛋白質の合成の場としては、ゴルジ体付近と予想されるが、凝集が観察されるのがその付近ということであって、合成の場そのものは別である可能性がある。但し、過去の報告例によると、微小管のコンポーネントであるtubulinはSeVの転写・複製活性に関与し、転写・複製を促進することが報告されており（Moyer, S.A. et al., Proc. Natl. Acad. Sci. U.S.A. 83, 5405-5409

(1986); Ogino, T. et al. J. Biol. Chem. 274, 35999-36008 (1999))、またゴルジ体は、そのtubulinが多く存在すると予想される中心体付近に局在することから、微小管の中心体付近（すなわちゴルジ体付近）で合成されると予想できる。更に、SeVの変異株であるFl-R strainはM遺伝子に変異を有しているが、感染後微小管を変化させて、Fl-R strainの細胞の極性に依存しない粒子形成を可能にしていると考えられている (Tashiro, M. et al., J. Virol. 67, 5902-5910 (1993))。即ち、tubulinに沿ったM蛋白の細胞内移動を想定することで、本実施例の結果も説明できる。このように予想されるメカニズムにおいて、M及びHN遺伝子へ当該温度感受性変異を導入することで、M蛋白の細胞内局在の不具合を生じ、結果的に二次放出粒子の減少が達成されていると判断された。

〔実施例9〕 P及びL遺伝子へ変異を導入したF欠失型SeVゲノムcDNAの構築

F欠失型SeVベクターへのさらなる変異導入による二次放出粒子抑制（及び細胞障害性減弱）を目的として、持続感染SeVで同定されている遺伝子構造 (Bossow, S. et al., Negative Strand Viruses 2000 P157) をもとにした改変を行った。実際のデザインは次の2種について行った。何れも上記持続感染SeVの解析で同定されたものであり、Pに一ヶ所（2種で異なる）、Lに二ヶ所（2種で同じ）の変異を導入した。具体的には、P(E86K)、L(N1197S/K1795E)及びP(L511F)、L(N1197S/K1795E)の2種類である。これらの変異を有する同定された変異株は、転写・複製がそれぞれ1/4-1/8及び1/2-1/3に減少し、virus releaseは約1%にまで減少していたと報告されていた (Bossow, S. et al., Negative Strand Viruses 2000 P157)。

変異導入のスキームを図17に示した。F欠失部位にEGFP遺伝子を搭載したF欠失型センダイウィルス全長ゲノムcDNA (pSeV18+/ΔF-GFP: Li, H.-O. et al., J. Virology 74, 6564-6569 (2000), W000/70070) をSalI及びNheIで消化しNP遺伝子を含む断片 (8294bp) を回収し、合成オリゴDNAを利用してマルチクローニングサイトを導入した (pSeV/ΔSalINheIfrg-MCSの構築)。マルチクローニングサイ

ト導入に使用した合成オリゴの配列は (5'-tcgacaccaggtattttaattaattaatcgcgag-3' / 配列番号: 17, 5'-ctagctcgcgattaattaattttaataacctggtg-3' / 配列番号: 18) である。構築したpSeV/ Δ SalINheIfrg-MCSを用いてL遺伝子への変異導入を行った。変異導入にはQuikChangeTMSite-Directed Mutagenesis Kit (Stratagene, La Jolla, CA) を利用してKitに記載の方法に従って行った。L遺伝子のN1197Sの変異導入に使用した合成オリゴの配列は (5'-gttctatcttcctgacTCtatagaccctggacacgcttac-3' / 配列番号: 19, 5'-gtaagcgtgtccaggctctataGAgtcaggaagatagaac-3' / 配列番号: 20)、K1795Eの変異導入に使用した合成オリゴの配列は (5'-ctacctattgagcccccttagttgacGaAgataaagataggcta-3' / 配列番号: 21, 5'-tagcciatctttatcTtCgtcaactaaggggctcaataggtag-3' / 配列番号: 22) である。P遺伝子への変異導入は、pSeV18+/ Δ F-GFPをSalI/NheIで消化して回収したP遺伝子を含むフラグメント (8931bp) をLitmus38の同サイトヘライゲーションして得られているLitmusSalI/NheIfrg Δ F-GFPを用いて行った。P遺伝子のE86Kの変異導入に使用した合成オリゴの配列は (5'-caagataatcgatcaggTAaAgagagtagagtctctgggag-3' / 配列番号: 23, 5'-ctcccagagactctactctcTtTacctgatcgattatcttg-3' / 配列番号: 24)、L511Fの変異導入に使用した合成オリゴの配列は (5'-ctcaaacgcatacagctctTtTccctccaaagagaagc-3' / 配列番号: 25, 5'-gcttctctttggagggAaAgagacgtgatgcgtttgag-3' / 配列番号: 26) である。変異導入後、P遺伝子にそれぞれ一ヶ所の変異を有するプラスミド (LitmusSalI/NheIfrg Δ F-GFP) をSalI/NheIで消化して回収したフラグメント (8294bp) と、また、L遺伝子に二ヶ所の変異を有するプラスミド (pSeV/ Δ SalINheIfrg-MCS) をSalI/NheIで消化して回収したL遺伝子を含むフラグメント (8931bp) をライゲーションして、pSeV18+/P86Lmut \cdot Δ F-GFP (P (E86K), L (N1197S/K1795E) の変異を有する) 及びpSeV18+/P511Lmut \cdot Δ F-GFP (P (L511F), L (N1197S/K1795E) の変異を有する) を構築した (pSeV18+/PLmut Δ F-GFP と総称する)。

更に、搭載遺伝子発現量の定量を行う為に、分泌型アルカリホスファターゼ (S

EAP) 遺伝子を搭載したcDNAの構築も行った。即ち、SEAP遺伝子の下流に終止シグナル-介在配列-開始シグナルを有するSEAP断片 (W000/70070) をNotIで切り出し (1638bp)、pSeV18+/P86Lmut・ Δ F-GFP及びpSeV18+/P511Lmut・ Δ F-GFPの+18位のNotIサイトに組み込んだ。それぞれ、pSeV18+SEAP/P86Lmut・ Δ F-GFP、及びpSeV18+SEAP/P511Lmut・ Δ F-GFPとした。

〔実施例 10〕 持続感染SeVの配列をP/Lへ導入したF欠失型SeVの再構成と増幅
ウィルスの再構成はLiらの報告 (Li, H.-O. et al., J. Virology 74. 6564-6569 (2000), W000/70070) に従って行った。詳細は本明細書の実施例 2 に記載の方法で行った。同方法で調整した各ウィルス溶液のタイターはSeV18+/P86Lmut・ Δ F-GFP, SeV18+/P511Lmut・ Δ F-GFP, SeV18+SEAP/P86Lmut・ Δ F-GFP及びSeV18+SEAP/P511Lmut・ Δ F-GFPでそれぞれ、 4.0×10^8 , 2.8×10^8 , 3.7×10^8 及び 2.0×10^8 GFP-CIU/mL (GFP-CIUの定義はW000/70070に記載) であった。

〔実施例 11〕 持続感染SeVの配列をP/Lへ導入したF欠失型SeVの2次放出粒子定量

2次放出粒子の定量は感染細胞の培養上清を用いたHA活性の測定により行った。この時、SeV18+/ Δ F-GFPとの比較を行った。実験方法の詳細は上記の実施例 4 に記載しているが、簡単に記すと、6 well plateにおいてコンフルエントに増殖させたLLC-MK2細胞に、 1×10^7 CIU/mL或いは 5×10^7 CIU/mLの各ウィルス溶液を1wellあたり100 μ Lを添加して (それぞれ、MOI 1或いはMOI 5) 1時間感染し、MEMで洗浄後、1 wellあたり1mLの血清を含まないMEMを添加して37°Cで培養した。1日毎にサンプリングし、サンプリング後直ぐに血清を含まない新しいMEM 1mLを添加して経時的に培養・サンプリングを行った。

HA活性の測定はKatoらの方法 (Kato, A. et al., Genes Cell 1, 569-579 (1996)) に倣って行った。即ち、丸底の96穴プレートを使用し、ウィルス液を段階的にPBSで希釈し各well 50 μ Lの2倍希釈系列を作製した。その50 μ Lに1%濃度にPBSで希釈したニワトリ保存血 (コスモバイオ, Tokyo, Japan) 50 μ Lを混合し、4°C

で1時間放置し赤血球の凝集を観察し、凝集したもののうち最もウィルス希釈率の高いものの希釈率をHA活性として判定した。

MOI 1で感染した場合もMOI 5で感染した場合も、P及びLへ持続感染SeVの配列を導入したベクターの感染細胞では2次放出粒子量が僅かに減少していた(図18)。則ち、P及びLへの変異導入によって、2次放出粒子形成を僅かながら減少できたと判断される。但し、抑制の程度はそれ程大きくはない。特徴的なのは感染後期において、SeV18+/ΔF-GFP感染細胞では徐々に2次放出粒子量は減少しているのに対して、SeV18+/P86Lmut・ΔF-GFP及びSeV18+/P511Lmut・ΔF-GFP感染細胞では、その減少がほとんど無いことである。この点はP及びLへの変異導入によって、細胞傷害性が減弱化し、感染後期においてもSeVベクターの転写・複製が維持され、2次放出粒子形成の維持が観察されていると予想された。

〔実施例12〕 持続感染SeVの配列をP/Lへ導入したF欠失型SeVの細胞傷害性

細胞傷害性に関しては、CV-1細胞においてSeV感染依存的な顕著な細胞傷害性が観察できることから、このCV-1細胞を利用して評価した。またコントロールとして、P/Lへの変異導入のないF欠失型SeV (SeV18+/ΔF-GFP) を使用した。実験方法の詳細は実施例6に記載している。簡単に記すと、CV-1細胞を 2.5×10^4 cells/well (100 μL/well) で96well plateに播き培養した。培養には10% FBSを含むMEMを使用した。24時間培養後、1% BSAを含むMEMで希釈したSeV18+/ΔF-GFP, SeV18+/P86Lmut・ΔF-GFP或いはSeV18+/P511Lmut・ΔF-GFP溶液を5 μL/wellで添加し感染させ、6時間後ウィルス液を含む培地を除き、FBSを含まない MEM培地に置き換えた。感染3日後に培養上清をサンプリングし、Cytotoxicity Detection Kit (Roche, Basel, Switzerland) を利用してKitに記載の方法に従って細胞傷害性の定量を行った。SeV18+/P86Lmut・ΔF-GFP及び SeV18+/P511Lmut・ΔF-GFPにおいてSeV18+/ΔF-GFPよりも明らかな細胞傷害性の減弱が観察された(図19)。

同実験時における、GFP陽性細胞を経時的にカウントした。P及びLへ持続感染SeVの配列を導入した二種のベクターの感染CV-1細胞でGFP陽性細胞の数が維持され

ていた（図 2 0）。CV-1細胞はSeV感染依存的な細胞傷害を受け易く、感染細胞は容易に剥がれてしまう。P及びLへ持続感染SeVの配列を導入したベクターの感染細胞が良く維持されていることは、これらのベクターで細胞傷害性が減弱していることを強く支持している。

同感染（MOI 10）CV-1細胞の感染3日後及び6日後の蛍光顕微鏡写真を図 2 1 に示した。同様にP及びLへ持続感染SeVの配列を導入したベクターの感染細胞の数も多く、状態も良いことが視覚的にも確認された。特に、SeV18+/P511Lmut・ Δ F-GFP感染CV-1細胞は増殖しているようにも見える。則ち、これらの結果は、P及びLへ持続感染SeVの配列を導入することで、SeV感染依存的な細胞傷害性を減弱化可能であることを示している。

〔実施例 1 3〕 持続感染SeVの配列をP/Lへ導入したF欠失型SeVの搭載遺伝子発現量定量

SeV18+/P86Lmut・ Δ F-GFP及びSeV18+/ P511Lmut・ Δ F-GFPの2次放出粒子減少及び細胞傷害性減弱の性質は、初めに同定された変異株における、転写・複製の減弱（それぞれ1/4-1/8及び1/2-1/3と報告：Bossow, S. et al., Negative Strand Viruses 2000 P157）に起因する可能性がある。その時、転写・複製の減弱によって、搭載遺伝子の発現量も抑制し、その低下が大きい場合はSeVベクターの利点の一つを消失することになる。そこで、持続感染SeVの配列をP/Lへ導入したSeVベクターについても+18位にSEAP遺伝子を挿入したものを作製し、感染細胞からのSEAP発現量を経時的に測定した。

実験方法の詳細は実施例 5 に記載している。簡単に記すと、SeV18+SEAP/ Δ F-GFP, SeV18+SEAP/P86Lmut・ Δ F-GFP及びSeV18+SEAP/P511Lmut・ Δ F-GFPをLLC-MK2細胞にm. o. i. 10で感染後、経時的に（24時間毎に）培養上清を回収し、上清中のSEAP活性をReporter Assay Kit-SEAP（TOYOBO, Osaka, Japan）を利用してKitに記載の方法に従って行った。SEAP活性値は全てのベクター間でほとんど同じだった（図 2 2）。則ち、持続感染SeVの配列をP/Lへ導入したベクターでも発現量の低下

はほとんどないと判断された。

また、SEAP遺伝子を搭載した各ベクターについても、感染細胞からの2次放出粒子量及び細胞傷害性の指標として感染細胞培養上清中のLDH量を定量した。2次放出粒子量ではSEAP遺伝子の搭載の影響が大きく反映されて、持続感染SeVの配列をP/Lへ導入した2種のベクターともに、2次放出粒子量が約1/10に減少した（図23）。P/Lへの変異導入の効果がより反映されていると判断される。また、細胞傷害性に関しては、SEAP遺伝子の搭載のないベクターの場合と同様に、持続感染SeVの配列をP/Lへ導入したことで細胞傷害の減弱が観察された（図24）。

〔実施例14〕 温度感受性変異及びP/L変異の両者を有するF欠失型SeVゲノムcDNAの構築

M蛋白及びHN蛋白への温度感受性変異の導入とP蛋白及びL蛋白への持続感染SeV由来配列の導入を組み合わせることによって、それぞれの変異単独の場合よりも更に二次放出粒子抑制（及び細胞障害性減弱）の効果が得られる可能性がある。そこで、温度感受性変異である6種類の変異（M：G69E, T116A, A183S, HN：A262T, G264R, K461G）及び持続感染SeV由来の変異（P：E86K或いはL511F, L：N1197S, K1795E）の合計9種類の変異を有する2種類のF欠失型SeVベクター（図25：SeV18+/MtsHNtsP86Lmut・ΔF-GFP, SeV18+/MtsHNtsP511Lmut・ΔF-GFP）の構築を行った。

変異導入のスキームを図26に示した。温度感受性変異を有するF欠失型センドライウィルスベクターゲノムcDNA（pSeV18+/MtsHNts ΔF-GFP：実施例1参照）をSalI及びNheIで消化しP遺伝子を含むフラグメント（8931bp）をLitmus38の同サイトヘライゲーションして得られるLitmusSalI/NheIfrg MtsHNts・ΔF-GFPを用いて行った。実施例1に記載の方法で行い、P遺伝子のE86Kの変異導入には（5'-caagataatcgatcaggtAaAgagagtagagtcctctgggag-3'／配列番号：23, 5'-ctcccagagactctactctctTtTaccigatcgattatcttg-3'／配列番号：24）の配列の合成オリゴを使用し、L511Fの変異導入には（5'-ctcaaacgcatcacgtctctTtTccctccaaagagaagc-3'／配列

番号：25, 5'-gcttctcttttgagggAaAgagacgtgatgcgtttgag-3' / 配列番号：26
の配列の合成オリゴを使用した。変異導入後、P遺伝子にそれぞれ一ヶ所の変異を有するプラスミド (LitmusSalI/NheIfrg MtsHNts ΔF-GFP) をSalI/NheIで消化して回収したフラグメント (8294bp) と、また、実施例1で構築した、L遺伝子に二ヶ所の変異を有するプラスミド (pSeV/ΔSalINheIfrg-MCS) をSalI/NheIで消化して回収したL遺伝子を含むフラグメント (8931bp) をライゲーションして、pSeV18+/MtsHNtsP86Lmut・ΔF-GFP (温度感受性変異及びP(E86K), L(N1197S/K1795E)の変異を有する) 及びpSeV18+/MtsHNtsP511Lmut・ΔF-GFP (温度感受性変異及びP(L511F), L(N1197S/K1795E)の変異を有する) を構築した (pSeV18+/MtsHNtsP Lmut ΔF-GFP と総称する)。

更に、搭載遺伝子発現量の定量を行う為に、分泌型アルカリホスファターゼ (SEAP) 遺伝子を搭載したcDNAの構築も行った。即ち、SEAP遺伝子の下流に終止シグナル-介在配列-開始シグナルを有するSEAP断片 (W000/70070) をNotIで切り出し (1638bp)、pSeV18+/MtsHNts P86Lmut・ΔF-GFP及びpSeV18+/MtsHNts P511Lmut・ΔF-GFPの+18位のNotIサイトに組み込んだ。それぞれ、pSeV18+SEAP/MtsHNts P86Lmut・ΔF-GFP、及びpSeV18+SEAP/MtsHNts P511Lmut・ΔF-GFPとした。

〔実施例15〕 温度感受性変異及びP/L変異の両者を有するF欠失型SeVの再構成と増幅

ウィルスの再構成はLiらの報告 (Li, H.-O. et al., J. Virology 74. 6564-6569 (2000), W000/70070) に従って行った。詳細は本明細書の実施例2に記載の方法で行った。同方法で調整した各ウィルス溶液のタイターはSeV18+/MtsHNts P86Lmut・ΔF-GFP, SeV18+/MtsHNts P511Lmut・ΔF-GFP, SeV18+SEAP/MtsHNts P86Lmut・ΔF-GFP及びSeV18+SEAP/MtsHNts P511Lmut・ΔF-GFPでそれぞれ、 8.6×10^8 , 4.2×10^8 , 1.7×10^8 及び 1.7×10^8 GFP-CIU/mL (GFP-CIUの定義はW000/70070に記載) であった。

〔実施例16〕 温度感受性変異及びP/L変異の両者を有するF欠失型SeVの2次放

出粒子定量

2次放出粒子の定量は感染細胞の培養上清を用いたHA活性の測定により行った。この時、SeV18+/ΔF-GFPとの比較を行った。実験方法の詳細は実施例4及び実施例11に記載しているが、簡単に記すと、6 well plateにおいてコンフルエントに増殖させたLLC-MK2細胞に、 1×10^7 CIU/mL或いは 3×10^7 CIU/mLの各ウィルス溶液を1wellあたり100 μLを添加して（それぞれ、MOI 1或いはMOI 3）1時間感染し、MEMで洗浄後、1 wellあたり1mLの血清を含まないMEMを添加して37℃で培養した。1日毎にサンプリングし、サンプリング後直ぐに血清を含まない新しいMEM 1mLを添加して経時的に培養・サンプリングを行った。

HA活性の測定はKatoらの方法（Kato, A. et al., Genes Cell 1, 569-579 (1996)）に倣って行った。即ち、丸底の96穴プレートを使用し、ウィルス液を段階的にPBSで希釈し各well 50 μLの2倍希釈系列を作製した。その50 μLに1%濃度にPBSで希釈したニワトリ保存血（コスモバイオ, Tokyo, Japan）50 μLを混合し、4℃で1時間放置し赤血球の凝集を観察し、凝集したもののうち最もウィルス希釈率の高いものの希釈率をHA活性として判定した。

MOI 1で感染した場合もMOI 3で感染した場合も、温度感受性変異及びP/L変異の両者を有するF欠失型SeVベクターの感染細胞では変異のないF欠失型SeV（SeV18+/ΔF-GFP）の感染細胞よりも2次放出粒子量が減少していた（図27）。特に、SeV18+/MtsHNts P511Lmut・ΔF-GFPにおいては、P/L変異のないSeV18+/MtsHNts ΔF-GFPよりもさらに2次放出粒子が減少し、P/L変異導入による相加的な効果が確認された。但し、SeV18+/MtsHNts P86Lmut・ΔF-GFPにおいてはSeV18+/MtsHNts ΔF-GFPよりも2次放出粒子量が増加し、この場合は相加的効果が観察されなかった。2次放出粒子の抑制という観点に絞れば、SeV18+/MtsHNts P511Lmut・ΔF-GFPは非常に優れていると判断された。

【実施例17】 温度感受性変異及びP/L変異の両者を有するF欠失型SeVの細胞傷害性

細胞傷害性に関しては、CV-1細胞を利用して評価した。またコントロールとして、P/Lへの変異導入のないF欠失型SeV (SeV18+/ΔF-GFP)、温度感受性変異のみを有するSeV (SeV18+/MtsHNts ΔF-GFP) 及びP/L変異のみを有する2種のSeV (SeV18+/P511Lmut・ΔF-GFP、SeV18+/P86Lmut・ΔF-GFP) を使用した。実験方法の詳細は実施例6及び実施例12に記載している。簡単に記すと、CV-1細胞を 2.5×10^4 cells/well (100 μL/well) で96well plateに播き培養した。培養には10% FBSを含むMEMを使用した。24時間培養後、1% BSAを含むMEMで希釈したSeV18+/ΔF-GFP, SeV18+/MtsHNts P86Lmut・ΔF-GFP或いはSeV18+/MtsHNts P511Lmut・ΔF-GFP溶液を5 μL/wellで添加し感染させ、6時間後ウィルス液を含む培地を除き、FBSを含まない MEM培地に置き換えた。感染3日後に培養上清をサンプリングし、Cytotoxicity Detection Kit (Roche, Basel, Switzerland) を利用してKitに記載の方法に従って細胞傷害性の定量を行った。温度感受性変異を導入することで (SeV18+/MtsHNts・ΔF-GFPにおいて)、ある程度の細胞傷害性の減弱があり、P/L変異を導入することで (SeV18+/P86Lmut・ΔF-GFP及び SeV18+/P511Lmut・ΔF-GFPにおいて) 同様に細胞傷害性の減弱が観察されているが、この両者を組み合わせることで (SeV18+/MtsHNts P86Lmut・ΔF-GFP及びSeV18+/MtsHNts P511Lmut・ΔF-GFPにおいて) 相加的に作用し顕著な細胞傷害性の減弱が達成された (図28)。

〔実施例18〕 温度感受性変異及びP/L変異の両者を有するF欠失型SeVの搭載遺伝子発現量定量

SeV18+/MtsHNts P86Lmut・ΔF-GFP及びSeV18+/MtsHNts P511Lmut・ΔF-GFPについても、+18位にSEAP遺伝子を挿入したものを作製し、感染細胞からのSEAP発現量を経時的に測定した。

実験方法の詳細は実施例5及び実施例13に記載している。簡単に記すと、SeV18+SEAP/ΔF-GFP, SeV18+SEAP/MtsHNts P86Lmut・ΔF-GFP及びSeV18+SEAP/MtsHNts P511Lmut・ΔF-GFPをLLC-MK2細胞にMOI 1或いはMOI 3で感染後、経時的に (24時間毎に) 培養上清を回収し、上清中のSEAP活性をReporter Assay Kit-SEAP (TO

YOBO, Osaka, Japan) を利用してKitに記載の方法に従って測定した。感染初期において発現量の低下が僅かに観察されるものの、SEAP活性値は全てのベクター間でほとんど同じだった(図29)。則ち、温度感受性変異及びP/L変異の両者を導入したベクターでも発現量の低下はほとんどないと判断された。

また、SEAP遺伝子を搭載した各ベクターについても、細胞傷害性の指標として感染細胞培養上清中のLDH量を定量した。SEAP遺伝子の搭載のないベクターの場合と同様に、温度感受性変異及びP/L変異の両者を導入したことによる、細胞傷害性の顕著な減弱が観察された(図30)。

[実施例19] EGFP遺伝子を有するM欠失型SeVゲノムcDNAの構築

構築にはM遺伝子を欠失したM欠失型センダイウィルス全長ゲノムcDNA (pSeV18+/ΔM: W000/09700) を利用した。構築のスキームを図31に表した。pSeV18+/ΔMのM欠失部位を含むBstEII断片(2098bp)を、予めSalI/XhoIで消化後ライゲーションしてEcoRV認識部位を欠失したpSE280 (Invitrogen, Groningen, Netherlands) のBstEIIサイトにサブクローニングした(pSE-BstEIIfrgの構築)。GFP遺伝子を有するpEGFP (TOYOBO, Osaka, Japan) をAcc65I及びEcoRIで消化しDNA bluntin g Kit (Takara, Kyoto, Japan) での5'末端のfill inにより末端の平滑化を行い、EcoRVで消化後BAP (TOYOBO, Osaka, Japan) 処理を行ったpSE-BstEIIfrgにサブクローニングした。このEGFP遺伝子を含むBstEIIフラグメントをもとのpSeV18+/ΔMに戻し、M欠失部位にEGFP遺伝子を搭載したM欠失型SeVゲノムcDNA (pSeV18+/ΔM-GFP) を構築した。

[実施例20] M及びF欠失型SeVゲノムcDNAの構築

下記記載の構築のスキームを図32に表した。F欠失部位にEGFP遺伝子を搭載したF欠失型センダイウィルス全長ゲノムcDNA (pSeV18+/ΔF-GFP: Li, H.-O. et al., J. Virology 74, 6564-6569 (2000), W000/70070) のNaeI断片(4922bp)をpBluescript II (Stratagene, La Jolla, CA) のEcoRVサイトにサブクローニングして構築したpBlueNaeIfrg-ΔFGFPを用いてM遺伝子の欠失を行った。M遺伝子直後の

ApaLIサイトを利用してM遺伝子を切り出すようにデザインした。即ち、切り出すfragmentが6nとなるようにP遺伝子直後にApaLI認識配列を導入した。変異導入はQuikChange™ Site-Directed Mutagenesis Kit (Stratagene, La Jolla, CA) を利用してKitに記載の方法に従って行った。変異導入に使用した合成オリゴの配列は5' - agagtcactgaccaactagatcgtgcacgaggcatcctaccatcctca-3' / 配列番号: 27, 5' - tgaggatggtaggatgcctcgtgcacgatctagttggicagtgactct-3' / 配列番号: 28) である。変異導入後、ApaLIで部分消化し (37℃, 5分)、QIAquick PCR Purification Kit (QIAGEN, Bothell, WA) で回収した後そのままライゲーションを行った。再度、QIAquick PCR Purification KitでDNAを回収し、BsmI及びStuIで消化後DH5αへ形質転換してM遺伝子 (及びF遺伝子) を欠失したDNA (pBlueNaeIfrg-ΔMΔFGFP) を調製した。

M (及びF遺伝子) を欠失したpBlueNaeIfrg-ΔMΔFGFPをSalI及びApaLIで消化を行い、M欠失部位を含むフラグメント (1480bp) を回収した。一方でpSeV18+/ΔF-GFPをApaLI/NheIで消化してHN遺伝子を含む断片 (6287bp) を回収し、この2種の断片をLitmus38 (New England Biolabs, Beverly, MA) のSalI/NheIサイトにサブクローニングした (LitmusSalI/NheIfrg-ΔMΔFGFPの構築)。LitmusSalI/NheIfrg-ΔMΔFGFPをSalI/NheIで消化して回収したフラグメント (7767bp) と、またpSeV18+/ΔF-GFPをSalI/NheIで消化して回収したM及びHN等遺伝子を含まないフラグメント (8294bp) をライゲーションして、M及びF遺伝子を欠失しその欠失部位にEGFP遺伝子を搭載したM及びF欠失型センダイウィルス全長ゲノムcDNA (pSeV18+/ΔMΔF-GFP) を構築した。構築したM欠失型 (及びM及びF欠失型) ウィルスの構造を図33に表した。

[実施例21] SeV-F及びM蛋白を発現するヘルパー細胞の作製

M蛋白 (及びF蛋白) を発現するヘルパー細胞作製の為にCre/loxP発現誘導システムを利用した。当該システムはCre DNA リコンビナーゼにより遺伝子産物を誘導発現するように設計されたプラスミドpCALNDLw (Arai, T. et al., J. Virol.

72: 1115-1121 (1988)) を利用したものであり、F蛋白のヘルパー細胞 (LLC-MK2/F7細胞) 作製の時にも同システムを利用している (Li, H.-O. et al., J. Virology 74, 6564-6569 (2000), W000/70070)。

〈1〉M発現プラスミドの構築

F及びM蛋白を同時発現誘導するヘルパー細胞の作出の為には、既に作製している上記LLC-MK2/F7細胞を利用し、この細胞に同システムでのM遺伝子導入を行うこととした。但し、F遺伝子導入時に使用したpCALNdLw/Fはneomycin耐性遺伝子を持っている為、同細胞を利用する為には別の耐性遺伝子の導入が必須であり、まず図34に記載のスキームでM遺伝子搭載プラスミド (pCALNdLw/M: pCALNdLwのSwaIサイトにM遺伝子導入) のneomycin耐性遺伝子をhygromycin耐性遺伝子に置き換えた。即ち、pCALNdLw/MをHincII及びEcoT22Iで消化しM遺伝子を含む断片 (4737bp) をアガロース電気泳動で分離、該当するバンドを切り出し、QIAEXII Gel Extraction Systemで回収した。同時に、同pCALNdLw/MをXhoIで切断、neomycin耐性遺伝子を含まない断片 (5941bp) を回収後、更にHincIIで切断し1779bpの断片を回収した。Hygromycin耐性遺伝子はpcDNA3.1hygro(+) (Invitrogen, Groningen, Netherlands) をテンプレートにhygro-5' (5'-tctcgagtcgctcggtacgatgaaaaagcctgaactcaccgcgacgtctgtcgag-3' / 配列番号: 29) 及びhygro-3' (5'-aatgcatgatcagtaaatataaatgaacatcgaacccagagtcgccctatttcctttgccctcggacgagtgtgtgggcgtc-3' / 配列番号: 30) の2種のプライマーを用いてPCRを行い、QIAquick PCR Purification Kitで回収した後XhoI及びEcoT22Iで消化して調製した。これら3種の断片をライゲーションしpCALNdLw-hygroMを作製した。

〈2〉SeV-M (及びF) 蛋白を誘導発現するヘルパー細胞のクローニング

トランスフェクションにはSuperfect Transfection Reagentを用いプロトコールに記載の方法で行った。即ち以下の方法をとった。LLC-MK2/F7細胞を 5×10^5 cells/dishで60mmシャーレに播き、10% FBSを含むD-MEMで24時間培養した。pCALNdLw-hygroMの5 μ gをFBS及び抗生物質を含まないD-MEMに希釈し (総量で150 μ L)、

攪拌後Superfect Transfection Reagent 30 μ Lを添加、再度攪拌し室温で10分間放置した。放置後、10%FBSを含むD-MEMを1mL添加し攪拌後、PBSで1回洗浄したLLC-MK2/F7細胞へこのトランスフェクション混合液を添加した。37 $^{\circ}$ C, 5% CO₂ インキュベーターで3時間培養後、トランスフェクション混合液を除去し、PBSで3回洗浄、10% FBSを含むD-MEMを5mL添加し24時間培養した。培養後、トリプシンで細胞を剥がし、96wellプレートに約5cells/wellの割り合いで希釈し、150 μ g/mLのhygromycin (Gibco-BRL, Rockville, MD) を含む10% FBS入りのD-MEMで約2週間培養した。単一の細胞から広がったクローンを6wellプレートまで拡大培養した。このようにして調製した合計130クローンについて以下解析を行った。

〈3〉SeV-M (及びF) 蛋白を誘導発現するヘルパー細胞クローンの解析

得られた130種のクローンについて、M蛋白の発現量をWestern-blottingで半定量的に解析した。各クローンを6wellプレートに播き、ほぼコンフルエントの状態、5% FBSを含むMEMで希釈したCre DNAリコンビナーゼを発現する組み換えアデノウイルス (AxCANCre) をSaitoらの方法 (Saito, I. et al., Nucl. Acid. Res. 23, 3816-3821 (1995), Arai, T. et al., J. Virol. 72, 1115-1121 (1998)) でm.o.i.5で感染させた。32 $^{\circ}$ Cで2日間培養後、培養上清を除去しPBS で1回洗浄し、セルスクレーパーで細胞を剥がして細胞を回収した。1laneあたりこの1/10量をアプライしてSDS-PAGEを行った後、抗M抗体を利用して実施例3及び4に記載の方法でWestern-blottingを行った。130クローンの中で比較的M蛋白の発現量の多かったものに関して、抗F抗体 (f236: Segawa, H. et al., J. Biochem. 123, 1064-1072 (1998)) を利用したWestern-blottingの結果と併せて図35に記載した。

〔実施例22〕 M欠失型SeVのウィルス再構成

M欠失型SeV (SeV18+/ Δ M-GFP) の再構成は、実施例21記載のクローンの評価を絡めて実施した。即ち、SeV18+/ Δ M-GFPのP0 lysateを各クローンに添加し、GFP蛋白の広がりが観測されるか (M蛋白のトランス供給が達成されるか) 否かにつ

いて検証した。P0 lysateの調製は実施例2に記載の方法に倣い以下のように行った。LLC-MK2細胞を 5×10^6 cells/dishで100mmのシャーレに播き、24時間培養後、PLWUV-VacT7を室温で1時間感染させた (m. o. i. 2)。細胞を血清を含まないMEMで洗浄した後、プラスミドpSeV18+/ Δ M-GFP, pGEM/NP, pGEM/P, pGEM/L, pGEM/F-HN及びpGEM/Mをそれぞれ12 μ g, 4 μ g, 2 μ g, 4 μ g, 4 μ g及び4 μ g/dishの量比でOpti-MEMに懸濁し、1 μ g DNA/5 μ L相当のSuperFect transfection reagentを入れて混合し、室温で15分間放置後、最終的に3% FBSを含むOpti-MEM 3mLに入れ、細胞に添加して培養した。5時間培養後血清を含まないMEMで2回洗浄し、40 μ g/mLの AraC及び7.5 μ g/mLのTrypsinを含むMEMで培養した。24時間培養後、 8.5×10^6 cells/dishあたりにLLC-MK2/F7/Aを重層し、40 μ g/mLの AraC及び7.5 μ g/mLのTrypsinを含むMEMで更に2日間37℃で培養した。これらの細胞を回収し、ペレットを2mL/dishあたりの Opti-MEMに懸濁、凍結融解を3回繰り返してP0 lysateを調製した。一方で10種のクローンを24 wellプレートに播き、ほぼコンフルエントの時にAxCANCreをm. o. i. 5で感染し、感染後32℃で2日間培養した細胞を準備した。この細胞にSeV18+/ Δ M-GFPのP0 lysateを各200 μ L/wellでトランスフェクションし、40 μ g/mLの AraC及び7.5 μ g/mLのTrypsinを含み血清を含まないMEMを用い32℃で培養した。#18及び#62のクローンでSeV18+/ Δ M-GFPによるGFP蛋白の広がりが観察された (図36)。特に、#62の方で広がりが早く、以下の実験にはこの#62を使用した。当該細胞についてAxCANCre誘導前のものをLLC-MK2/F7/M62と記載し、誘導後のものでF及びM蛋白を持続発現しているものをLLC-MK2/F7/M62/Aと記載することにする。LLC-MK2/F7/M62/Aを利用してSeV18+/ Δ M-GFPの調製を継続し、P2の感染6日後に 9.5×10^7 , P4の感染5日後に 3.7×10^7 GFP-CIUのウィルスを調製した。

本実験においても、実施例3に示した「P1以降を32℃で培養する」という改善点があったからこそSeV18+/ Δ M-GFPのウィルス回収が可能になったと考えられる。SeV18+/ Δ M-GFPにおいてM蛋白を発現細胞 (LLC-MK2/F7/M62/A) からトランスに

供給していることが原因と考えられるが、広がり非常に遅くP1の感染7日後でようやく広がりが見られている（図36）。即ち、当該ウィルスの再構成実験においても、「P1以降を32℃で培養する」ことが転写複製効率の良くない或いは感染性ビリオン形成効率の良くないSeVを再構成する場合に非常に有効であることを支持している。

【実施例23】 M欠失型ウィルスの生産性

このウィルスの生産性の面での検討も行った。LLC-MK2/F7/M62/Aを6well plateに播き37℃で培養した。ほぼコンフルエントの状態で32℃に移行させ、1日後にSeV18+/ΔM-GFPをm.o.i. 0.5で感染し、経時的に培養上清を回収し新たな培地を添加した。回収した上清についてCIUとHAUを求めた。感染4～6日後で最も多くのウィルスが回収された（図37）。HAUは感染6日後以降も維持されているが、この時点では細胞障害性が強く出ており、ウィルスパーティクル由来ではなく、細胞断片に結合している或いは遊離しているHA蛋白による活性が出ているものと予想された。即ち、ウィルスを回収するには感染5日後までの培養上清を回収すべきであると考えられる。

【実施例24】 M欠失型SeVのウィルスの構造確認

SeV18+/ΔM-GFPのウィルス遺伝子をRT-PCRで、ウィルス蛋白をWestern-blottingで確認した。RT-PCRはP2の感染6日後のウィルスを利用した。ウィルス溶液からのRNAの回収はQIAamp Viral RNA Mini Kit (QIAGEN, Bothell, WA) を利用し、またcDNA調製はThermoscript RT-PCR System (Gibco-BRL, Rockville, MD) を利用して、両システムともに添付のプロトコールに記載の方法で行った。cDNA調製時のプライマーにはキットに添付のrandom hexamerを使用した。また、RNAからの産物であることの確認として、reverse transcriptaseの有無で同反応を行った。調製したcDNAをテンプレートとしてP遺伝子上のF3593 (5'- ccaatctaccatcagcatcagc-3' / 配列番号: 31) とF遺伝子上のR4993 (5'- ttcccttcacgcactatgacc-3' / 配列番号: 32) の組み合わせと、同じくP遺伝子上のF3208 (5'- agagaacaagact

aaggctacc-3' / 配列番号: 33) とR4993の組み合わせの2種でPCRを行った。SeV18+/ΔM-GFPの遺伝子構造から予想されたように、前者及び後者からそれぞれ1073bp及び1458bpの増幅が観察された(図38)。reverse transcriptase無し(RT-)の場合は当該遺伝子の増幅はなく、またGFP遺伝子ではなくM遺伝子が挿入している場合(pSeV18+GFP)はそれぞれ1400bp及び1785bpなので明らかに大きさが異なり、本ウィルスはM欠失型の遺伝子構造であることを支持した。

Western-blottingにより蛋白側からの確認を行った。SeV18+/ΔM-GFP, SeV18+/ΔF-GFP及びSeV18+GFPをm. o. i. 3でLLC-MK2に感染し、感染3日後に培養上清と細胞を回収し、培養上清は48,000gで45分間遠心しウィルス蛋白を回収した。SDS-PAGE後、Western-Blottingを行い、抗M抗体、抗F抗体及び主にNP蛋白を認識するDN-1抗体(ラビットポリクローナル)で検出した。実施例3及び実施例4に記載の方法で行った。SeV18+/ΔM-GFP感染細胞ではM蛋白が観測されずF或いはNPは観測されたことから、蛋白側からもSeV18+/ΔM-GFPの構造であることが確認された(図39)。この時、SeV18+/ΔF-GFP感染細胞ではF蛋白が観測されず、SeV18+GFPでは調べた全てのウィルス蛋白質が観測された。また、培養上清のウィルス蛋白に関しては、SeV18+/ΔM-GFPにおいてはNPの観測量が非常に少なく、二次放出粒子が無い或いは非常に少ないと予想された。

[実施例25] M欠失型SeVの2次放出粒子の有無に関する定量的解析

実施例24記載のようにSeV18+/ΔM-GFPをm. o. i. 3でLLC-MK2に感染し、感染3日後に培養上清を回収し、0.45μm径のフィルターを通した後48,000gで45分間遠心し、回収したウィルス蛋白を用いてWestern-blottingを行い、半定量的に培養上清中のウィルス蛋白を検出した。対照としてSeV18+/ΔF-GFPを同様に感染して調製したサンプルを使用した。それぞれの希釈系列を作製しWestern-blottingを行いDN-1抗体(主にNP蛋白認識)で検出した。SeV18+/ΔM-GFP感染細胞上清中のウィルス蛋白はSeV18+/ΔF-GFP感染細胞のものの約1/100であると判断された(図40)。また、同サンプルのHA活性はSeV18+/ΔF-GFP(64HAU)なのに対しSeV18

+/ Δ M-GFP (<2 HAU) であった。

同実験を再度経時的に行った。即ち、SeV18+/ Δ M-GFPをm. o. i. 3でLLC-MK2に感染し、経時的に（一日毎に）培養上清を回収し、HA活性を測定した（図4 1）。感染4日後以降に少ないながらもHA活性が観測された。但し、同サンプルについて細胞障害性の指標となるLDH活性を測定した所、SeV18+/ Δ M-GFP感染細胞では感染4日後以降明らかな細胞障害性が惹起しており（図4 2）、HA活性の上昇はウィルス様パーティクルに起因するのでは無く、細胞断片に結合している或いは遊離しているHA蛋白による活性が出ている可能性が高いと予想された。更に、感染5日後の培養上清について、カチオニックリポソームであるDosper Liposomal Transfection Reagent (Roche, Basel, Switzerland) を用いて検証した。即ち、培養上清100 μ LとDosper 12.5 μ Lを混合し室温で10分放置後、6 wellプレートにコンフルエントに培養したLLC-MK2細胞にトランスフェクションした。2日後に蛍光顕微鏡下で観察した所、二次放出粒子の存在するSeV18+/ Δ F-GFP感染細胞の培養上清では、多くのGFP陽性細胞が観察されるのに対し、SeV18+/ Δ M-GFP感染細胞の培養上清ではGFP陽性細胞は僅かには存在したが殆ど観察されなかった（図4 3）。以上の結果より、M蛋白を欠失することで、二次放出粒子はほとんど抑制可能であると結論できた。

【実施例2 6】 F及びM両欠失型SeVのウィルス再構成

F及びM欠失型SeV (SeV18+/ Δ M Δ F-GFP) の再構成は、実施例2 2記載のSeV18+/ Δ M-GFPの再構成と同様の方法で行った。即ち、LLC-MK2細胞を 5×10^6 cells/dishで100mmのシャーレに播き、24時間培養後、PLWUV-VacT7を室温で1時間感染させた (m. o. i. 2)。細胞を血清を含まないMEMで洗浄した後、プラスミドpSeV18+/ Δ M Δ F-GFP, pGEM/NP, pGEM/P, pGEM/L, pGEM/F-HN及びpGEM/Mをそれぞれ12 μ g, 4 μ g, 2 μ g, 4 μ g, 4 μ g及び4 μ g/dishの量比でOpti-MEMに懸濁し、1 μ g DNA/5 μ L相当のSuperFect transfection reagentを入れて混合し、室温で15分間放置後、最終的に3% FBSを含むOpti-MEM 3mLに入れ、細胞に添加して培養した。5時間培養

後血清を含まないMEMで2回洗浄し、40 μ g/mLの AraC及び7.5 μ g/mLのTrypsinを含むMEMで培養した。24時間培養後、 8.5×10^6 cells/dishあたりにLLC-MK2/F7/M62/Aを重層し、40 μ g/mLの AraC及び7.5 μ g/mLのTrypsinを含むMEMで更に2日間37℃で培養した。これらの細胞を回収し、ペレットを2mL/dishあたりの Opti-MEMに懸濁、凍結融解を3回繰り返してP0 lysateを調製した。一方でLLC-MK2/F7/M62/Aを24 wellプレートに播き、ほぼコンフルエントの時に32℃に移し1日間培養した細胞を準備した。この細胞にSeV18+/ Δ M Δ F-GFPのP0 lysateを各200 μ L/wellでトランスフェクションし、40 μ g/mLの AraC及び7.5 μ g/mLのTrypsinを含み血清を含まないMEMを用い32℃で培養した。P0では良く広がったGFP陽性細胞が観察された。また、P1でも非常に弱いながら広がりが観察された(図44)。しかし、検出可能な力価を含むウィルス溶液としては回収できなかった。LLC-MK2/F7/M62/AにSeV18+/ Δ F-GFP或いはSeV18+/ Δ M-GFPを感染させた場合、両ウィルスの場合でGFP陽性細胞の順調な広がりが観察された(図45)。F/M両発現細胞(LLC-MK2/F7/M62/A)を用い、SeV18+/ Δ F-GFPまたはSeV18+/ Δ M-GFPをm.o.i. 0.5 で感染後、3日後及び6日後にサンプリングし、1/6.5容の7.5% BSAを混合し(終濃度 1%)、保存したサンプルについてタイターを測定することによってベクターの生産性を調べたところ、SeV18+/ Δ F-GFPで 10^8 GFP-CIU/mL以上、SeV18+/ Δ M-GFPで 10^7 GFP-CIU/mL以上のウィルス溶液として回収可能であった(表1)。即ち、M及びF蛋白質は、両方ともトランス供給が成功していることが示された。

表 1

	感染3日後	感染6日後	
SeV18+/ Δ F-GFP	1.0×10^8	1.7×10^8	
SeV18+/ Δ M-GFP	1.0×10^7	3.6×10^7	GFP-CIU/mL

〔実施例 27〕 SeV-F及びM蛋白を発現するヘルパー細胞の改良

LLC-MK2/F7/M62/AのM/F発現ヘルパー細胞を利用した場合、M/F両欠失型SeV (SeV18+/ΔMΔF-GFP) のウィルス粒子は回収出来なかった。しかし、F欠失型SeV (SeV18+/ΔF-GFP) 及びM欠失型SeV (SeV18+/ΔM-GFP) の両者の再構成・生産が可能であったことから、同ヘルパー細胞に利用したCre/loxP発現誘導システムの基本的な能力として、M及びF両蛋白質のトランス供給は十分可能であると考えられた。則ち、Cre/loxP発現誘導システムの利用は効果的であり、M/F両欠失型SeVの再構成を可能にするには、同システムを用いて発現するM及びF蛋白量を更に増やす必要があると判断した。

〈1〉 M及びF発現プラスミドの構築

M及びF蛋白を同時に発現誘導するヘルパー細胞の改良の為には、既に作製している上記LLC-MK2/F7/M62細胞を利用し、この細胞に同システムでのM及びF遺伝子の再導入を行うこととした。但し、F遺伝子導入時に使用したpCALNdLw/Fはneomycin耐性遺伝子を有し、M遺伝子導入時に使用したpCALNdLw/hygroMはhygromycin耐性遺伝子を有している為、同細胞を利用する為には別の耐性遺伝子の導入が必須であり、まず図46に記載のスキームでF遺伝子搭載プラスミド (pCALNdLw/F: pCALNdLwのSwaIサイトにM遺伝子導入) のneomycin耐性遺伝子をzeocin耐性遺伝子に置き換えた。即ち、pCALNdLw/FをSpeI及びEcoT22Iで消化しF遺伝子を含む断片 (5477bp) をアガロース電気泳動で分離、該当するバンドを切り出し、QIAEXII Gel Extraction Systemで回収した。同時に、同pCALNdLw/FをXhoIで切断、neomycin耐性遺伝子を含まない断片 (6663bp) を回収後、更にSpeIで切断し1761bpの断片を回収した。Zeocin耐性遺伝子はpcDNA3.1Zeo(+) (Invitrogen, Groningen, Netherlands) をテンプレートにzeo-5' (5'- TCTCGAGTCGCTCGGTACGatggccaagttgaccagttgccgttccgggtgctcac-3' / 配列番号: 34) 及びzeo-3' (5'- AATGCATGATCAGTAAATTACAATGAACATCGAACCCAGAGTCCCGCtcagtcctgctccctcgccacgaagtcacgcagttg-3' / 配列番号: 35) の2種のプライマーを用いてPCRを行い、QIAquick PCR Purificat

ion Kitで回収した後XhoI及びEcoT22Iで消化して調製した。これら3種の断片をライゲーションしpCALNdLw-zeoFを作製した。次にXhoI fragmentで 薬剤耐性遺伝子を含む断片を組み換えることでpCALNdLw-zeoM遺伝子を構築した。

〈2〉ヘルパー細胞のクローニング

トランスフェクションにはLipofectAMINE PLUS reagent (Invitrogen, Groningen, Netherlands) を用いプロトコールに記載の方法で行った。即ち以下の方法をとった。LLC-MK2/F7/M62細胞を 5×10^5 cells/dishで60mmシャーレに播き、10% FBSを含むD-MEMで24時間培養した。pCALNdLw-zeoF及びpCALNdLw-zeoMのそれぞれ1 μ g (計2 μ g) をFBS及び抗生物質を含まないD-MEMに希釈し (総量で242 μ L)、攪拌後LipofectAMINE PLUS reagent 8 μ Lを添加、再度攪拌し室温で15分間放置した。放置後、予めLipofectAMINE reagent 12 μ LをFBS及び抗生物質を含まないD-MEMに希釈したものを (総量で250 μ L) 添加し室温で15分間放置した。放置後、FBS及び抗生物質を含まないD-MEMを2mL添加し攪拌後、PBSで1回洗浄したLLC-MK2/F7/M62細胞へこのトランスフェクション混合液を添加した。37℃, 5% CO₂インキュベーターで3時間培養後、トランスフェクション混合液を除去することなく、20% FBSを含むD-MEMを2.5mL添加し24時間培養した。培養後、トリプシンで細胞を剥がし、96wellプレートに約5cells/well或いは25cells/wellの割り合いで希釈し、500 μ g/mLのzeocin (Gibco-BRL, Rockville, MD) を含む10% FBS入りのD-MEMで約2週間培養した。単一の細胞から広がったクローンを6wellプレートまで拡大培養した。このようにして調整した合計98クローンについて解析を行った。

得られた98クローンについて、M蛋白及びF蛋白の発現量をWestern-blottingで半定量的に解析した。各クローンを12wellプレートに播き、ほぼコンフルエントの状態、5% FBSを含むMEMで希釈したCre DNAリコンビナーゼを発現する組み換えアデノウィルス (AxCANCre) をSaitoらの方法 (Saito, I. et al., Nucl. Acid . Res. 23, 3816-3821 (1995), Arai, T. et al., J. Virol. 72, 1115-1121 (1998)) でMOI 5で感染させた。32℃で2日間培養後、培養上清を除去しPBS で1回

洗浄し、セルスクレーパーで細胞を剥がして細胞を回収した。1 laneあたりこの1/5量をアプライしてSDS-PAGEを行った後、抗M抗体及び抗F抗体 (f236 : Segawa, H. et al., J. Biochem. 123, 1064-1072 (1998)) を利用してWestern blottingを行った。評価した約98クローンの中の9クローンについての結果を図47に示した。

【実施例28】 M/F両欠失型SeVのウィルス再構成(2)

M/F両欠失型SeV (SeV18+/ Δ M Δ F-GFP) の再構成は、実施例27記載のクローンの評価を絡めて実施した。則ち、M/F両欠失型SeV再構成のP0 lysate (トランスフェクションした細胞のライセート) を利用して、再構成が可能か否かの評価を行った。P0 lysateの調製は実施例2に記載の方法に倣い以下のように行った。LLC-MK2細胞を 5×10^6 cells/dishで100mmのシャーレに播き、24時間培養後、PLWUV-VacT7を室温で1時間感染させた (MOI 2)。細胞を血清を含まないMEMで洗浄した後、プラスミドpSeV18+/ Δ M Δ F-GFP, pGEM/NP, pGEM/P, pGEM/L, pGEM/F-HN及びpGEM/Mをそれぞれ12 μ g, 4 μ g, 2 μ g, 4 μ g, 4 μ g及び4 μ g/dishの量比でOpti-MEMに懸濁し、1 μ g DNA/5 μ L相当のSuperFect transfection reagentを入れて混合し、室温で15分間放置後、最終的に3% FBSを含むOpti-MEM 3mLに入れ、細胞に添加して培養した。5時間培養後血清を含まないMEMで2回洗浄し、40 μ g/mLの AraC及び7.5 μ g/mLのTrypsinを含むMEMで培養した。24時間培養後、 8.5×10^6 cells/dishあたりにLLC-MK2/F7/Aを重層し、40 μ g/mLの AraC及び7.5 μ g/mLのTrypsinを含むMEMで更に2日間37℃で培養した。これらの細胞を回収し、ペレットを2mL/dishあたりの Opti-MEMに懸濁、凍結融解を3回繰り返してP0 lysateを調製した。一方で新たにクローニングした細胞を24 wellプレートに播き、ほぼコンフルエントの時にAxCANCreをMOI 5で感染し、感染後32℃で2日間培養した細胞を準備した。この細胞にSeV18+/ Δ M Δ F-GFPのP0 lysateを各200 μ L/wellでトランスフェクションし、40 μ g/mLの AraC及び7.5 μ g/mLのTrypsinを含み血清を含まないMEMを用い32℃で培養した。評価した中の20クローンについて、GFP蛋白の広がり観察

され、M/F両欠失型SeVの回収に成功した。その中の数クローンでの再構成の様子を示したが（図48）、特に、クローン#33（LLC-MK2/F7/M62/#33）ではp3（継代3回目）の段階で 10^8 GFP-CIU/mL以上の感染ウィルス粒子が回収され、生産細胞として非常に有望な細胞であると認識される。LLC-MK2/F7/M62の細胞にM及びF両遺伝子を導入すると、高頻度でM/F両欠失型SeVの回収が可能な細胞が調整できたことになる。解釈として、LLC-MK2/F7/M62細胞の時点で、発現量としては非常に良い状態にあり、（M及びF両遺伝子を導入し）M/F両蛋白の発現を僅かに底上げすることによって、M/F両欠失型SeVの回収が可能になったと判断された。

〔実施例29〕 M/F両欠失型SeVのウィルス生産性

このウィルスの生産性の面での検討も行った。LLC-MK2/F7/M62/#33を6well plateに播き37℃で培養した。ほぼコンフルエントの状態でAxCANCreをMOI 5で感染し（LLC-MK2/F7/M62/#33/A）、感染後32℃で2日間培養した。その後、SeV18+/ΔMΔF-GFPをMOI 0.5で感染し、経時的に培養上清を回収し新たな培地を添加した。回収した上清についてCIUとHAUを求めた。感染2日目以降、継続して 10^8 CIU/mL以上のウィルスが回収された（図49）。また、CIUとHAUの変化が平行であり、生産している多くのparticleは感染性を有しており、効率的に生産されていると考えられた。

〔実施例30〕 M/F両欠失型SeVのウィルス構造確認

SeV18+/ΔMΔF-GFPのウィルス遺伝子をRT-PCRで、ウィルス蛋白をWestern-blottingで確認した。RT-PCRはP2の感染5日目（P2d5）のウィルスを利用した。ウィルス溶液からのRNAの回収はQIAamp Viral RNA Mini Kit（QIAGEN, Bothell, WA）を利用し、またcDNA調整からRT-PCRはSuperScript One-Step RT-PCR System（Gibco-BRL, Rockville, MD）を利用して、両システムともに添付のプロトコールに記載の方法で行った。cDNA調製及びRT-PCR用プライマーとして、P遺伝子上のF3208（5'-agagaacaagactaaggctacc-3'／配列番号：33）とGFP遺伝子上のGFP-RV（5'-cagatgaacttcagggtcagcttg-3'／配列番号：36）、及び同F3208とHN遺伝子上

のR6823 (5'-tgggtgaatgagagaatcagc-3' / 配列番号: 37) の組み合わせの2種でPCRを行った。SeV18+/ Δ M Δ F-GFPの遺伝子構造から予想されたように、前者及び後者からそれぞれ644bp及び1495bpの増幅が観察された(図50)。また、SeV18+/ Δ M-GFP及びSeV18+/ Δ F-GFPから調整したものでは、それぞれ予想される大きさの遺伝子の増幅が観察され、明らかにSeV18+/ Δ M Δ F-GFPからのものとは大きさが異なった。以上のことから、本ウィルスはM/F両欠失型の遺伝子構造であることを支持した。

Western-blottingにより蛋白側からの確認を行った。SeV18+/ Δ M Δ F-GFP, SeV18+/ Δ M-GFP, SeV18+/ Δ F-GFP及びSeV18+GFPをMOI 3でLLC-MK2に感染し、感染2日後に細胞を回収した。SDS-PAGE後、Western-Blottingを行い、抗M抗体、抗F抗体及び主にNP蛋白を認識するDN-1抗体(ラビットポリクローナル)で検出した。実施例3及び実施例4に記載の方法で行った。SeV18+/ Δ M Δ F-GFP感染細胞ではM蛋白及びF蛋白ともに観測されずNPは観測されたことから、蛋白側からもSeV18+/ Δ M Δ F-GFPの構造であることが確認された(図51)。この時、SeV18+/ Δ F-GFP感染細胞ではF蛋白が観測されず、SeV18+/ Δ M-GFP感染細胞ではM蛋白が観測されず、SeV18+GFPでは調べた全てのウィルス蛋白質が観測された。

[実施例31] M/F両欠失型SeVの2次放出粒子の有無に関する定量的解析

同実験を再度経時的に行った。即ち、SeV18+/ Δ M Δ F-GFPをMOI 3でLLC-MK2に感染し、経時的に(一日毎に)培養上清を回収し、HA活性を測定した(図52)。感染4日後以降に少ないながらもHA活性が観測された。但し、このHA活性の上昇は、SeV18+/ Δ M-GFPの場合と同じく、ウィルス様パーティクルに起因するのではなく細胞断片に結合している或いは遊離しているHA蛋白による活性が出ている可能性が高いと予想された。更に、感染5日後の培養上清について、カチオニックリポソームであるDosper Liposomal Transfection Reagent (Roche, Basel, Switzerland)を用いて検証した。即ち、培養上清100 μ LとDosper 12.5 μ Lを混合し室温で10分放置後、6 wellプレートにコンフルエントに培養したLLC-MK2細胞にトラ

ンスフェクションした。2日後に蛍光顕微鏡下で観察した所、二次放出粒子の存在するSeV18+/ΔF-GFP感染細胞の培養上清からのものでは、多くのGFP陽性細胞が観察されるのに対し、SeV18+/ΔMΔF-GFP感染細胞の培養上清からのものではGFP陽性細胞は殆ど観察されなかった（図53）。以上の結果より、SeV18+/ΔMΔF-GFPは、感染細胞からの二次放出粒子をほとんど消失していると結論できた。

〔実施例32〕 M/F両欠失型SeV及びM欠失型SeVのウィルス感染能評価 (in vitro)

非分裂細胞への導入及び発現効率については遺伝子導入ベクターの性能を評価する上で重要な項目であり、評価は必須である。そこで、胎生17日ラット脳より大脳皮質神経細胞を調整し初代培養を行い、非分裂細胞における感染能を調べた。

ラット大脳皮質初代培養神経細胞の調整は以下の方法で行った。妊娠SDラットを胎齢17日において、エーテル麻酔下断頭を行った。イソジン及び80%エタノールにより腹部を消毒後、子宮を10cmシャーレに取り出し、子宮より胎児を取り出す。次に、胎児の頭部の頭皮及び頭蓋骨をINOX5ピンセットで裂き、脳を採取、35mmシャーレに集めた。小脳及び脳幹の一部を眼科用ハサミで除き、大脳を半球に分け、脳幹の残りを除き、嗅球をピンセットでつまんで除き、髄膜をピンセットで除いた。最後に、間脳及び海馬を眼科用ハサミで取り除いた後に、皮質をシャーレに集め、手術用メス刃にて小片にし、15mm遠心管に集めた。0.3mg papain/mLにて37℃で10分間処理、5mLの血清入り培地で処理、洗浄し、細胞を分散した。70μm strainerを通し、遠心により細胞を集めた後、緩やかにピペティングし細胞を分散し、細胞の計数を行った。poly-L-lysine (PLL) coated 24 well plateに 2×10^5 或いは 4×10^5 cells/well で細胞を播種し、2日後にM/F両欠失型SeV (SeV18+/ΔMΔF-GFP) 及びM欠失型SeV (SeV18+/ΔM-GFP) をMOI 3で感染した。感染36hr後に神経細胞特異的マーカーであるMAP2で免疫染色を行い、GFP発現細胞 (SeV感染細胞) と重合せをして感染細胞の同定を行った。

MAP2による免疫染色は以下のように行った。感染細胞をPBSで洗浄後、室温で10分間4% paraformaldehydeで細胞を固定し、PBSで洗浄後、2%のnormal goat serumを含むPBS溶液を用いて室温で60分間Blockingを行った。1/200に希釈したAnti-MAP2抗体 (Sigma, St. Louis, MO) を37℃で30分間反応し、PBSで洗浄後、1/200に希釈した二次抗体 (goat anti mouse IgG Alexa568: Molecular Probes Inc., Eugene, OR) を37℃で30分間反応した。PBSで洗浄後、蛍光顕微鏡 (DM IRB-SLR: Leica, Wetzlar, Germany) 下、細胞の蛍光を観察した。

M/F両欠失型SeV (SeV18+/ΔMΔF-GFP) 及びM欠失型SeV (SeV18+/ΔM-GFP) の両者において、MAP2陽性細胞のほとんどがGFPに陽性であった (図54)。則ち、調整した神経細胞のほとんどの細胞で効率的にSeVが感染しており、M/F両欠失型SeV 及びM欠失型SeVともに非分裂細胞への導入及び発現効率が良いことが確認された。

【実施例33】 M/F両欠失型SeV及びM欠失型SeVのウィルス感染能評価 (in vivo)

in vivoでの感染能を評価した。M/F両欠失型SeV (SeV18+/ΔMΔF-GFP) 及びM欠失型SeV (SeV18+/ΔM-GFP) 5 μL (1×10⁹ p.f.u./ml) をスナネズミの左側能室にステレオ法により脳室内投与した。投与2日後に解剖し脳を摘出し、凍結切片を作製した。蛍光顕微鏡下で観察し、GFPの蛍光強度により感染の有無を調査した。M/F両欠失型SeV (SeV18+/ΔMΔF-GFP) 及びM欠失型SeV (SeV18+/ΔM-GFP) の両者において、左右側脳室の上皮細胞等において、多くの陽性細胞が観察された (図55)。則ち、M/F両欠失型SeV及びM欠失型SeVともにin vivoにおいて効率的な遺伝子導入及び発現が可能であることが確認された。

【実施例34】 M/F両欠失型SeV及びM欠失型SeVの細胞傷害性評価

細胞傷害性に関しては、SeV感染依存的な細胞傷害性が観察できる、CV-1細胞及びHeLa細胞を利用して評価した。またコントロールとして、付加型SeV (天然型: SeV18+GFP) (複製能を持つ) 及びF欠失型SeV (SeV18+/ΔF-GFP) について同時に

測定した。実験方法の詳細は実施例 6、実施例 12 及び実施例 17 に記載している。簡単に記すと、CV-1細胞或いはHeLa細胞を 2.5×10^4 cells/well (100 μ L/well) で96well plateに播き培養した。培養には両細胞ともに10% FBSを含むMEMを使用した。24時間培養後、1% BSAを含むMEMで希釈したSeV18+GFP, SeV18+/ Δ F-GFP, SeV18+/ Δ M-GFP或いはSeV18+/ Δ M Δ F-GFP溶液を5 μ L/wellで添加し感染させ、6時間後ウィルス液を含む培地を除き、FBSを含まない MEM培地に置き換えた。感染3日後に培養上清をサンプリングし、Cytotoxicity Detection Kit (Roche, Basel, Switzerland) を利用してKitに記載の方法に従って細胞傷害性の定量を行った。付加型SeVと比較すると、M或いはF遺伝子を欠失することで (SeV18+/ Δ F-GFP及びSeV18+/ Δ M-GFPにおいて) 細胞傷害性の減弱があり、この両欠失を組み合わせることで (SeV18+/ Δ M Δ F-GFPにおいて) 相加的に作用しより細胞傷害性が減弱した (図56)。

以上のように、本明細書において初めて再構成に成功した「M/F両欠失型SeVベクター」は、非分裂細胞を含む多くの細胞への感染能を有し、2次放出粒子をほとんど消失し、更に細胞傷害性の減弱した汎用性の高い遺伝子導入ベクターであると考えられる。

産業上の利用の可能性

本発明により、粒子形成能が低下または消失した(-)鎖RNAウィルスの検査方法、スクリーニング方法、および製造方法が提供された。本発明により製造されるウィルスは、遺伝子導入細胞から2次放出 (VLP放出) による細胞障害や免疫誘導が低減されるため、宿主に対して副作用の少ない遺伝子導入ベクターとして有用である。特に本発明により提供されるベクターは、in vivo および ex vivo における遺伝子治療用ベクターとして様々な適用が期待される。

請求の範囲

1. (一)鎖RNAウィルスベクターの粒子形成能を検査する方法であって、該ベクターを導入した細胞におけるM蛋白質の局在を検出する工程を含む方法。
2. 粒子形成能が低下または消失した(一)鎖RNAウィルスベクターをスクリーニングする方法であって、
 - (a) 該ベクターを導入した細胞におけるM蛋白質の局在を検出する工程、
 - (b) 該局在が低下または消失したベクターを選択する工程、を含む方法。
3. M蛋白質の局在が、M蛋白質の細胞表面の凝集である、請求項1または2に記載の方法。
4. (一)鎖RNAウィルスベクターの粒子形成能を低下または消失させる遺伝子をスクリーニングする方法であって、
 - (a) 被検遺伝子を保持する(一)鎖RNAウィルスベクターを導入した細胞におけるM蛋白質の局在を検出する工程、
 - (b) 該局在を低下または消失させる遺伝子を選択する工程、を含む方法。
5. M蛋白質の局在が、M蛋白質の細胞表面の凝集である、請求項4に記載の方法。
6. 被検遺伝子が、(一)鎖RNAウィルスのM、F、およびHN遺伝子からなる群より選択される遺伝子の変異体である、請求項4または5に記載の方法。
7. 粒子形成能が低下または消失した組み換え(一)鎖RNAウィルスベクターの製造方法であって、請求項4から6のいずれかに記載の方法により同定または単離され得る遺伝子を保持する(一)鎖RNAウィルスベクターを、該遺伝子によるM蛋白質の局在の低下または消失を持続的に相補する条件下で再構成させる工程、を含む方法。
8. 粒子形成能が低下または消失した組み換え(一)鎖RNAウィルスベクターの製造方法であって、M遺伝子の欠損または変異により該M遺伝子の発現産物の局在が低

下または消失する(一)鎖RNAウィルスベクターを、機能的M蛋白質が持続的に発現する条件下で再構成させる工程、を含む方法。

9. 前記工程が、細胞表面における遺伝子産物の凝集が低下または消失する温度感受性変異M遺伝子を保持する(一)鎖RNAウィルスベクターを、許容温度で再構成させる工程である、請求項8に記載の方法。

10. 温度感受性変異M遺伝子が、センダイウィルスM蛋白質のG69、T116、およびA183からなる群より選択される少なくとも1つのアミノ酸部位に相当するアミノ酸が他のアミノ酸に置換された(一)鎖RNAウィルスM蛋白質をコードする遺伝子である、請求項9に記載の方法。

11. 前記工程が、M遺伝子が欠損している(一)鎖RNAウィルスベクターを、再構成を行う細胞の染色体に組み込まれたM遺伝子が発現する条件下で再構成させる工程である、請求項8に記載の方法。

12. (一)鎖RNAウィルスベクターが、さらにHNおよび/またはF遺伝子が欠損しているか、または温度感受性変異HNおよび/または温度感受性変異F遺伝子を保持する、請求項7から11のいずれかに記載の方法。

13. 温度感受性変異HN遺伝子が、センダイウィルスHN蛋白質のA262、G264、およびK461からなる群より選択される少なくとも1つのアミノ酸部位に相当するアミノ酸が他のアミノ酸に置換された(一)鎖RNAウィルスHN蛋白質をコードする遺伝子である、請求項12に記載の方法。

14. (一)鎖RNAウィルスベクターが、さらにPおよび/またはL遺伝子に変異を保持する、請求項7から13のいずれかに記載の方法。

15. P遺伝子の変異が、センダイウィルスP蛋白質のE86および/またはL511に相当する(一)鎖RNAウィルスP蛋白質のアミノ酸部位が他のアミノ酸に置換された変異である、請求項14に記載の方法。

16. L遺伝子の変異が、センダイウィルスL蛋白質のN1197および/またはK1795に相当する(一)鎖RNAウィルスL蛋白質のアミノ酸部位が他のアミノ酸に置換された

変異である、請求項14または15に記載の方法。

17. ベクターの再構成を35℃以下で行う工程を含む、請求項7から16のいずれかに記載の方法。

18. (－)鎖RNAウィルスがパラミクソウィルスである、請求項1から17のいずれかに記載の方法。

19. パラミクソウィルスがセンダイウィルスである、請求項18に記載の方法。

20. 請求項7から19のいずれかに記載の方法により製造された、粒子形成能が低下または消失した組み換え(－)鎖RNAウィルスベクター。

21. 組み換え(－)鎖RNAウィルスであって、機能的M蛋白質を有するが、該ウィルスのゲノムにおいてM蛋白質をコードする配列が欠損しているウィルス。

22. 下記(a)から(d)からなる群より選択される少なくとも1つの性質を有する組み換え(－)鎖RNAウィルス。

(a) 該ウィルスのゲノムにコードされるM蛋白質において、センダイウィルスM蛋白質のG69、T116、およびA183からなる群より選択される少なくとも1つのアミノ酸部位に相当するアミノ酸が他のアミノ酸に置換されている。

(b) 該ウィルスのゲノムにコードされるHN蛋白質において、センダイウィルスHN蛋白質のA262、G264、およびK461からなる群より選択される少なくとも1つのアミノ酸部位に相当するアミノ酸が他のアミノ酸に置換されている。

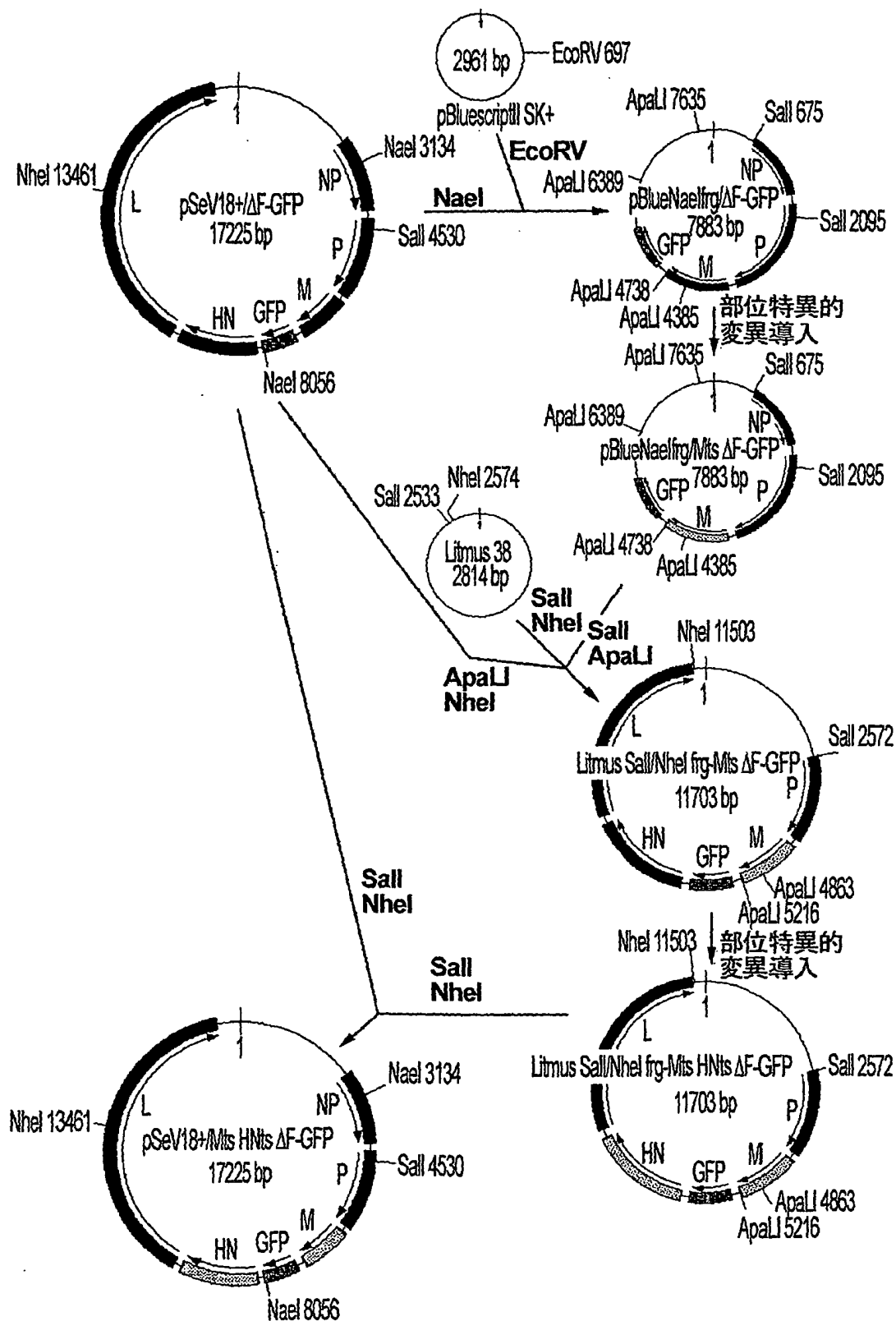
(c) 該ウィルスのゲノムにコードされるP蛋白質において、センダイウィルスP蛋白質のE86またはL511のアミノ酸部位に相当するアミノ酸が他のアミノ酸に置換されている。

(d) 該ウィルスのゲノムにコードされるL蛋白質において、センダイウィルスL蛋白質のN1197および/またはK1795のアミノ酸あるいは他の(－)鎖RNAウィルスM蛋白質の相同部位のアミノ酸部位に相当するアミノ酸が他のアミノ酸に置換されている。

23. 少なくとも (a) および (b) の性質を有する、請求項 22 に記載のウィルス。
24. 少なくとも (c) および (d) の性質を有する、請求項 22 に記載のウィルス。
25. (a) から (d) の全ての性質を有する、請求項 22 に記載のウィルス。
26. 該ウィルスのゲノムにおいてスパイク蛋白質をコードする配列の少なくとも 1 つをさらに欠損する、請求項 21 から 25 のいずれかに記載のウィルス。
27. スパイク蛋白質が F 蛋白質である、請求項 26 に記載のウィルス。
28. (-) 鎖 RNA ウィルスがパラミクソウィルスである、請求項 21 から 27 のいずれかに記載のウィルス。
29. パラミクソウィルスがセンダイウィルスである、請求項 28 に記載のウィルス。
30. 遺伝子導入における細胞傷害性を減弱させるために用いる、請求項 21 から 29 のいずれかに記載の組み換えウィルス。
31. 遺伝子導入における導入遺伝子の発現レベルの低下を抑制するために用いる、請求項 21 から 30 のいずれかに記載の組み換えウィルス。
32. 遺伝子導入においてウィルスを導入した細胞からのウィルス様粒子 (VLP) の放出を抑制するために用いる、請求項 21 から 31 のいずれかに記載の組み換えウィルス。
33. 請求項 21 から 32 のいずれかに記載の組み換えウィルスを 10^6 CIU/ml 以上で含む水溶液。

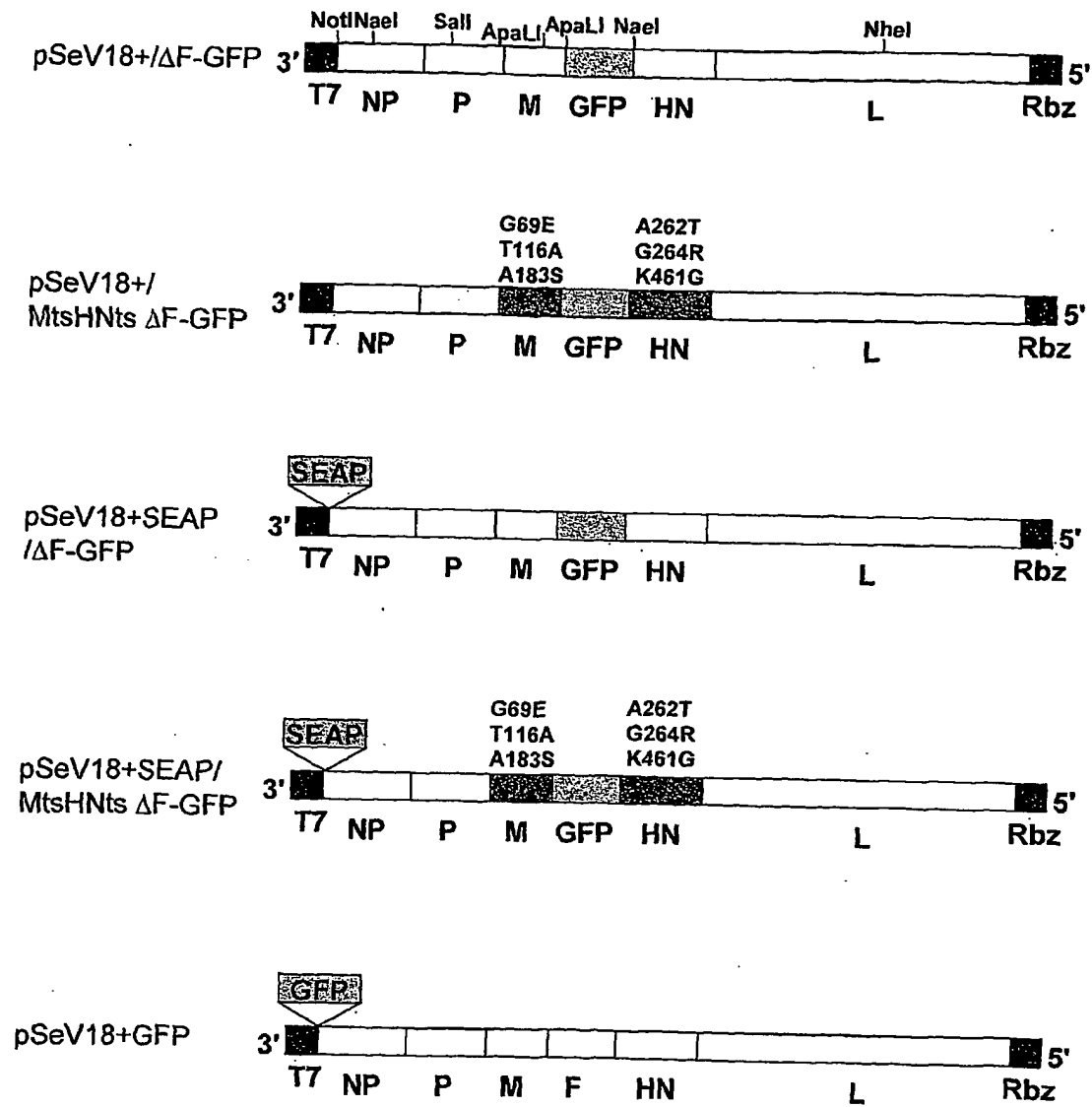
1 / 5 6

図 1



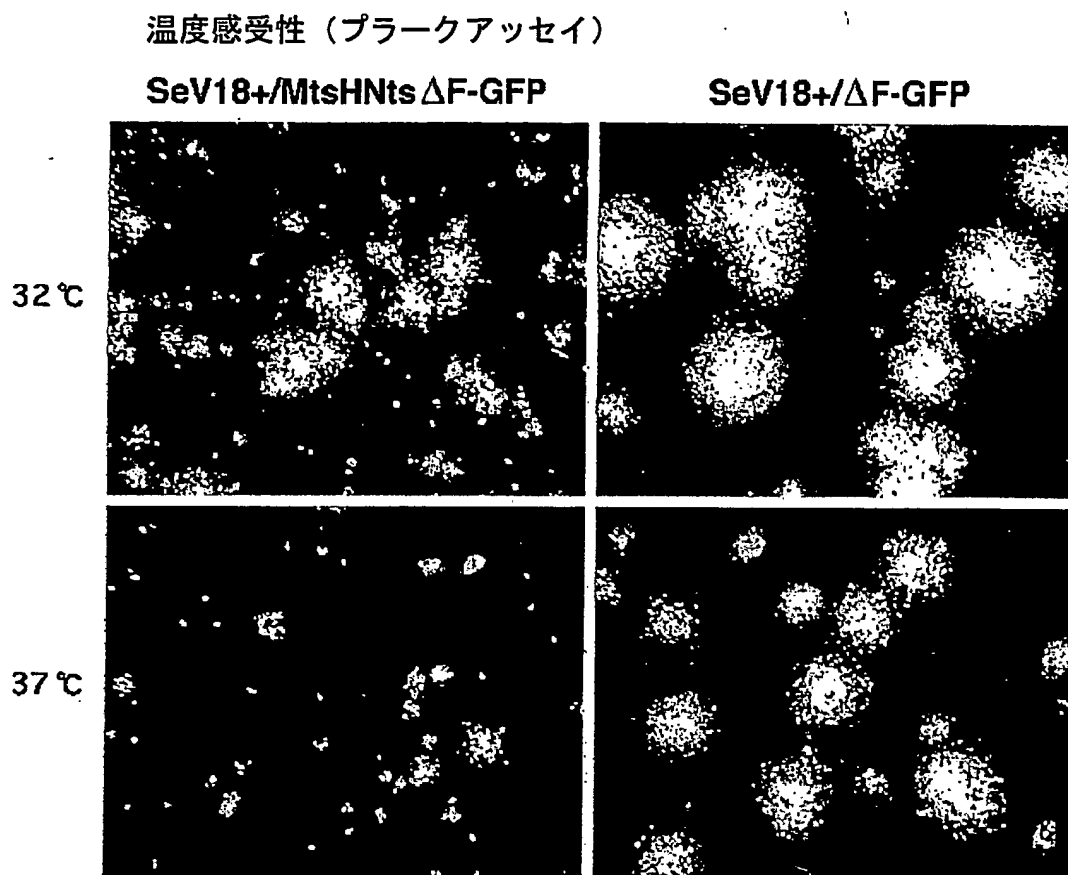
2 / 56

图 2



3 / 5 6

図 3

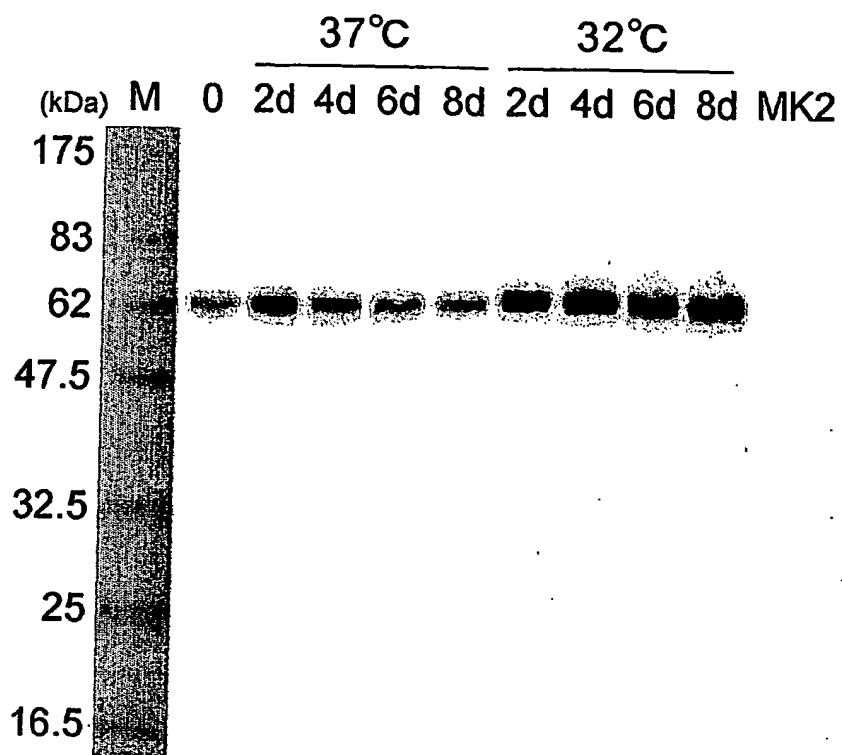


4 / 5 6

図 4

LLC-MK2/F6/A: F 発現

抗 F 抗体



5 / 56

図 5

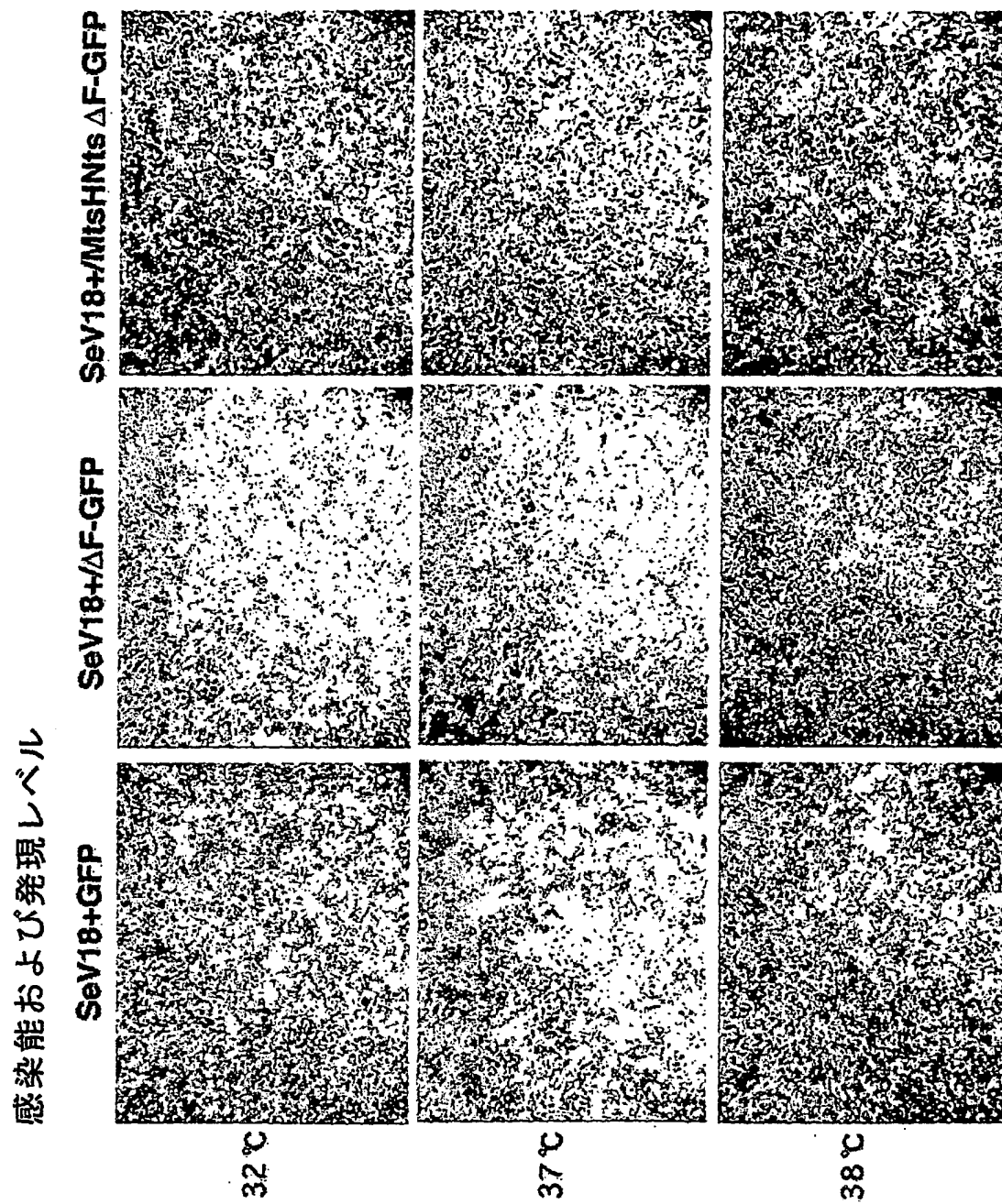


図 6

HAアッセイ
LLC-MK2

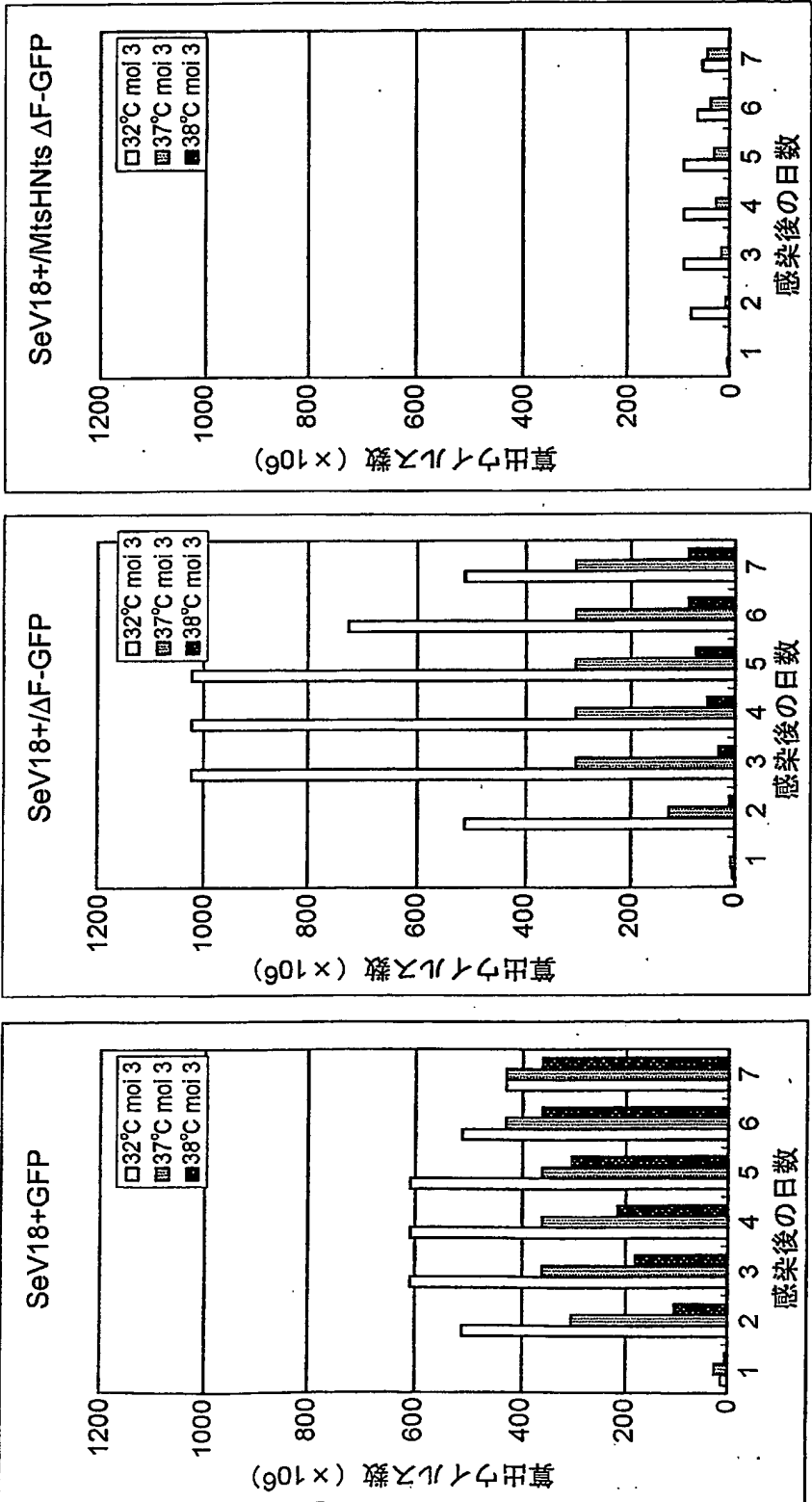
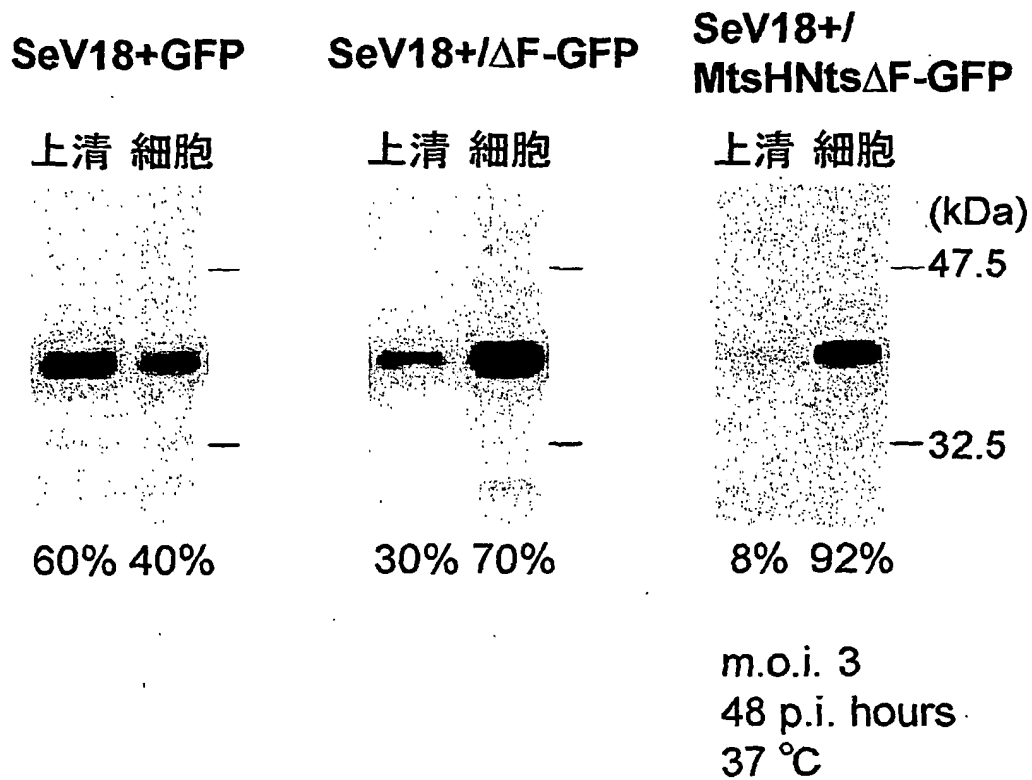


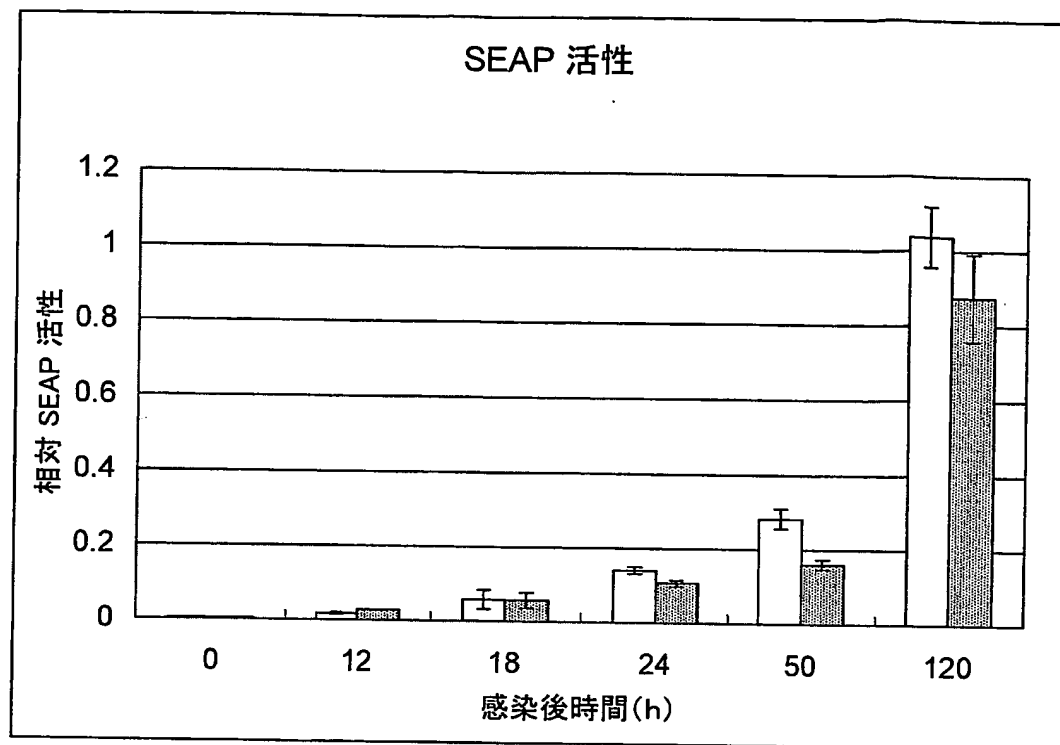
図 7

ウイルス様粒子(VLP) 産生の違い



8 / 56

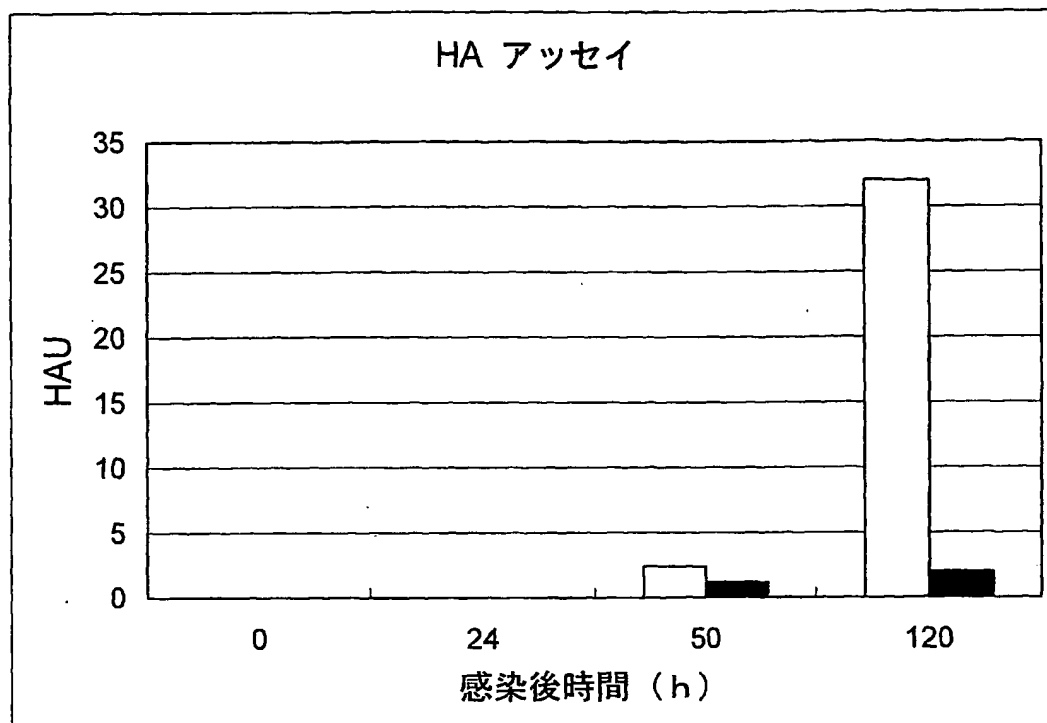
図 8



- SeV18+SEAP/ΔF-GFP
- ▨ SeV18+SEAP/MtsHNts ΔF-GFP

9 / 56

図 9

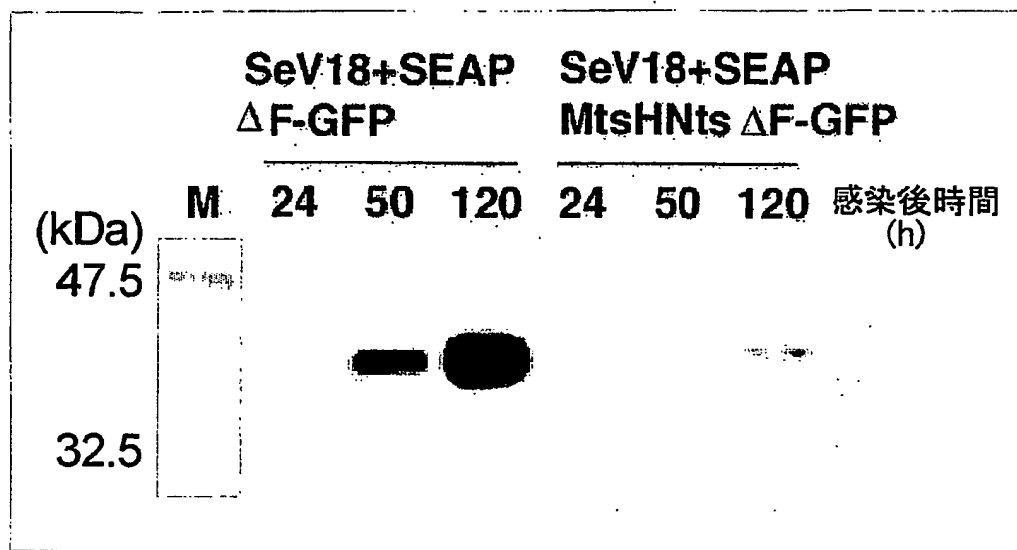


□ SeV18+SEAP/ΔF-GFP

■ SeV18+SEAP/MtsHNts ΔF-GFP

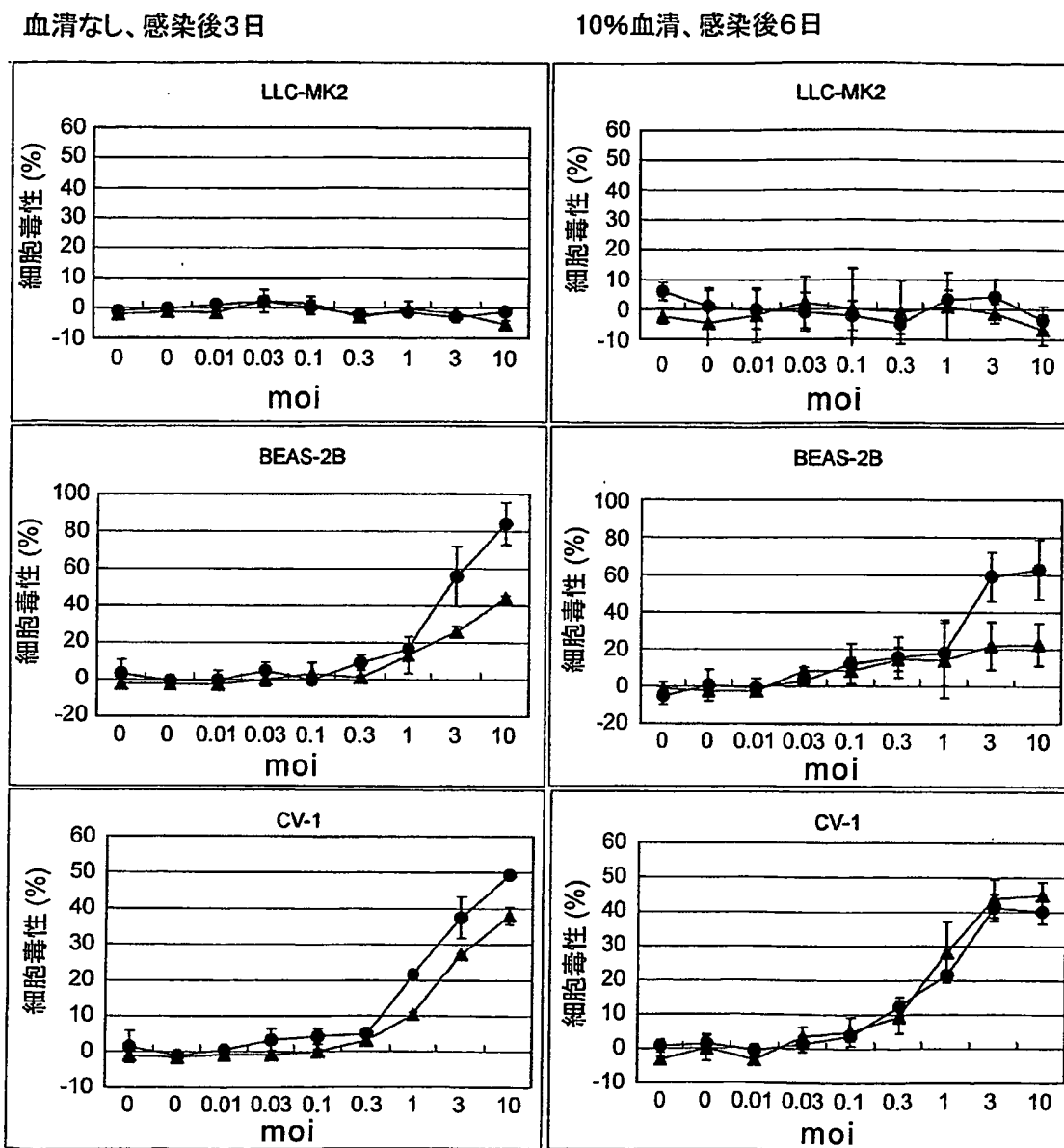
10/56

図 10



11 / 56

図 11

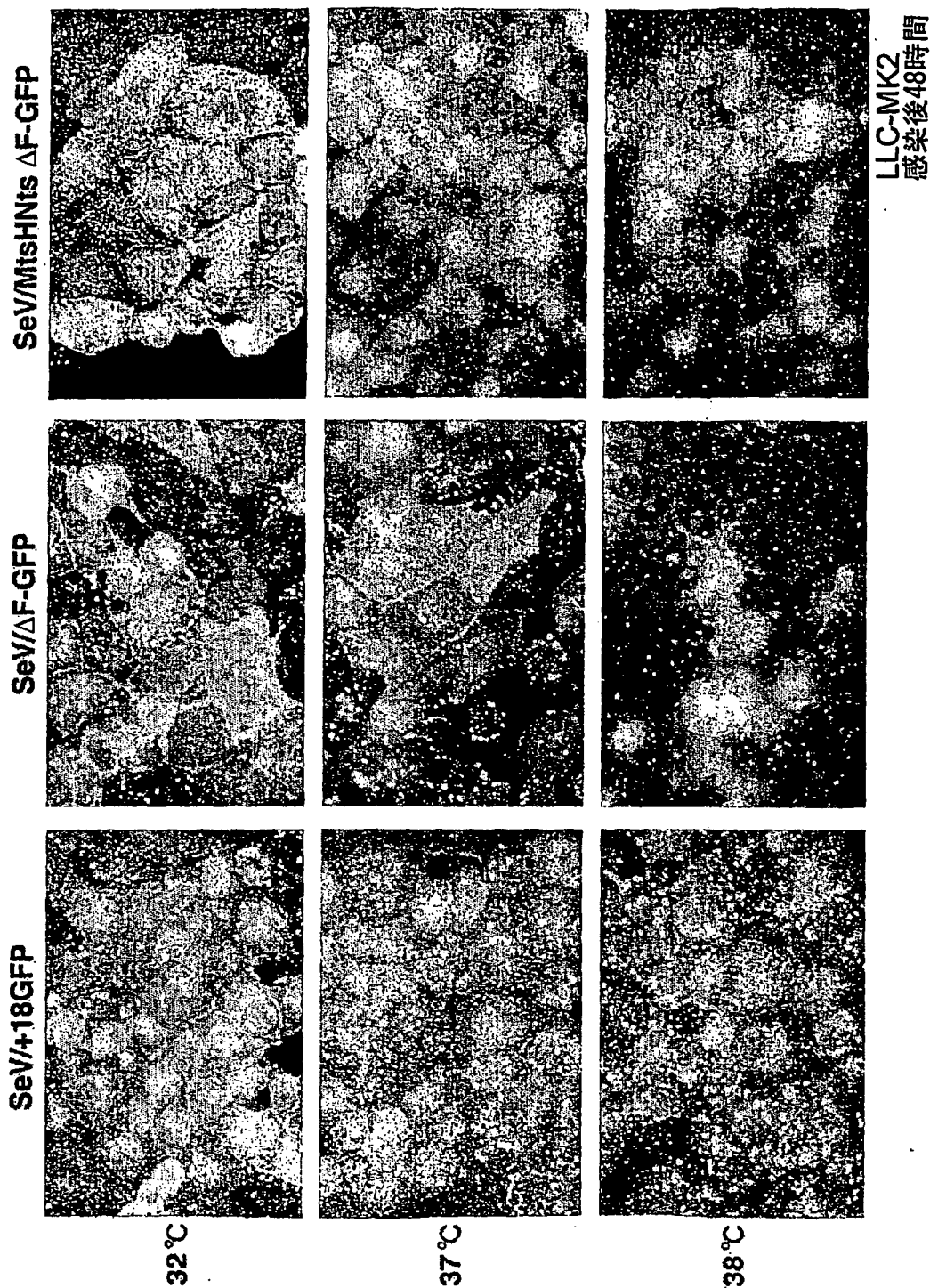


● : SeV+18/ΔF-GFP
 ▲ : SeV+18/MtsHNtsΔF-GFP

12 / 56

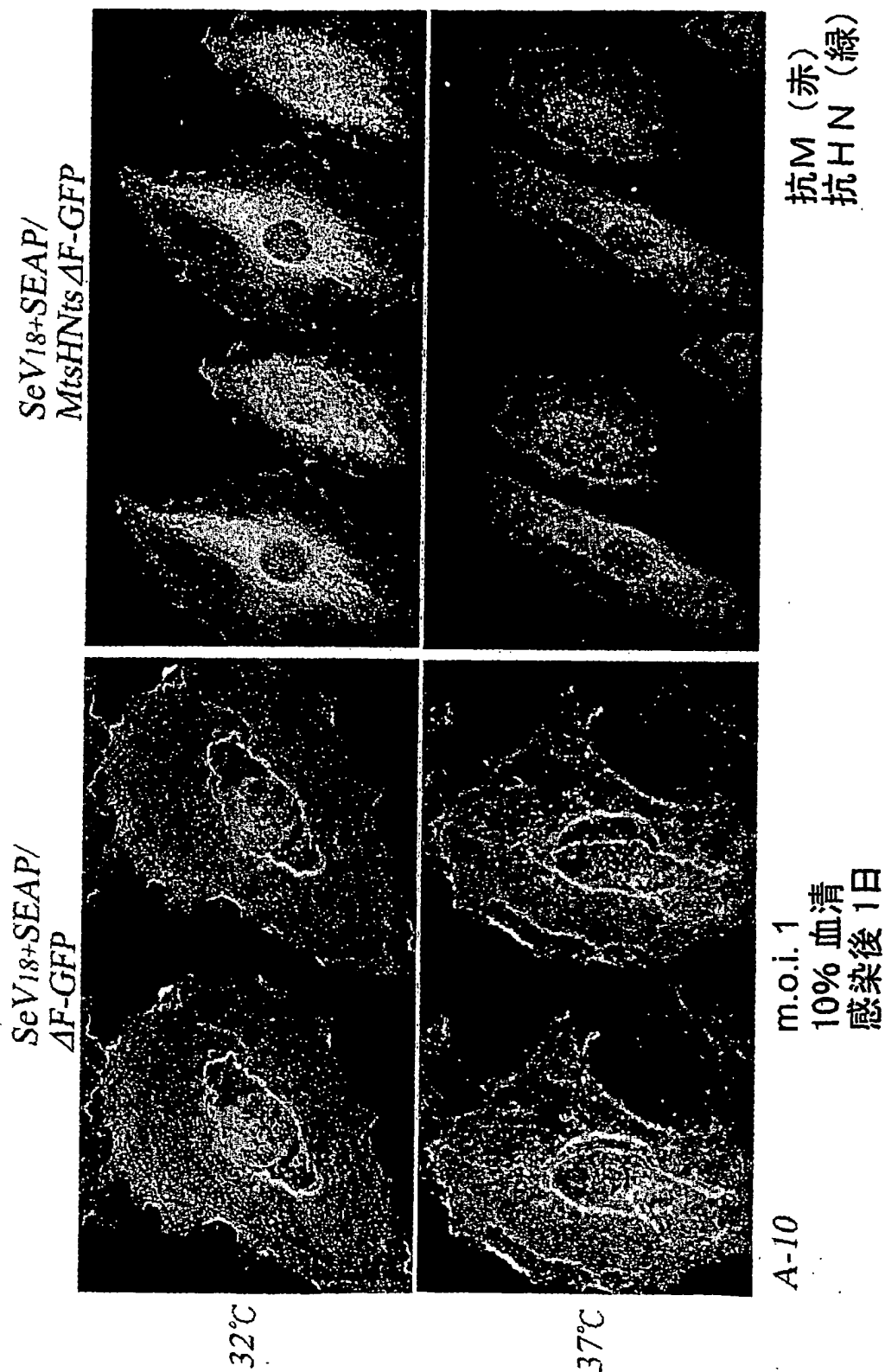
図 12

M蛋白質の細胞内局在の温度感受性



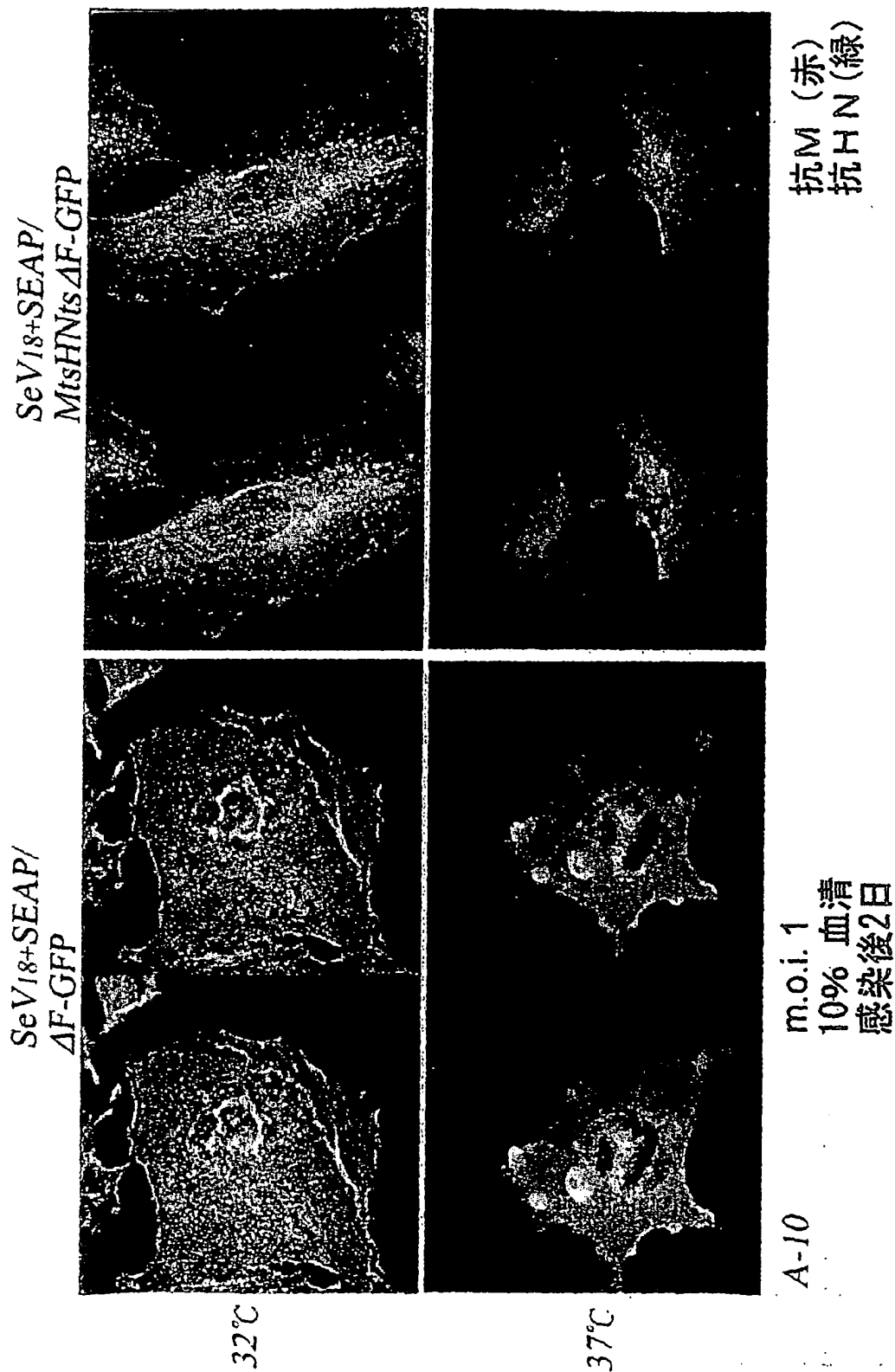
13/56

図13



14 / 56

図 14

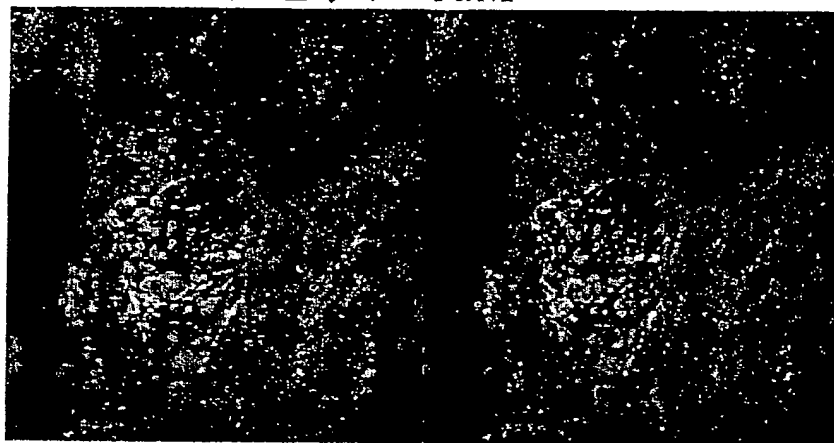


15 / 56

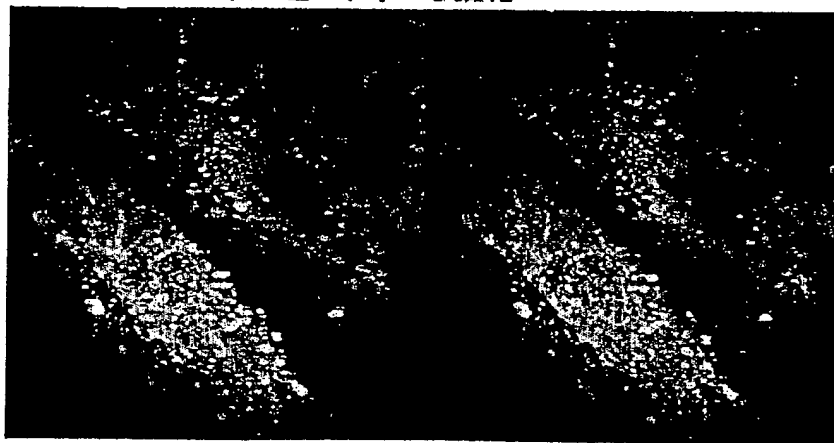
図15

*SeV18+SEAP/
MtsHNts ΔF -GFP*

コルヒチン 1 μ M



コルセミド 1 μ M



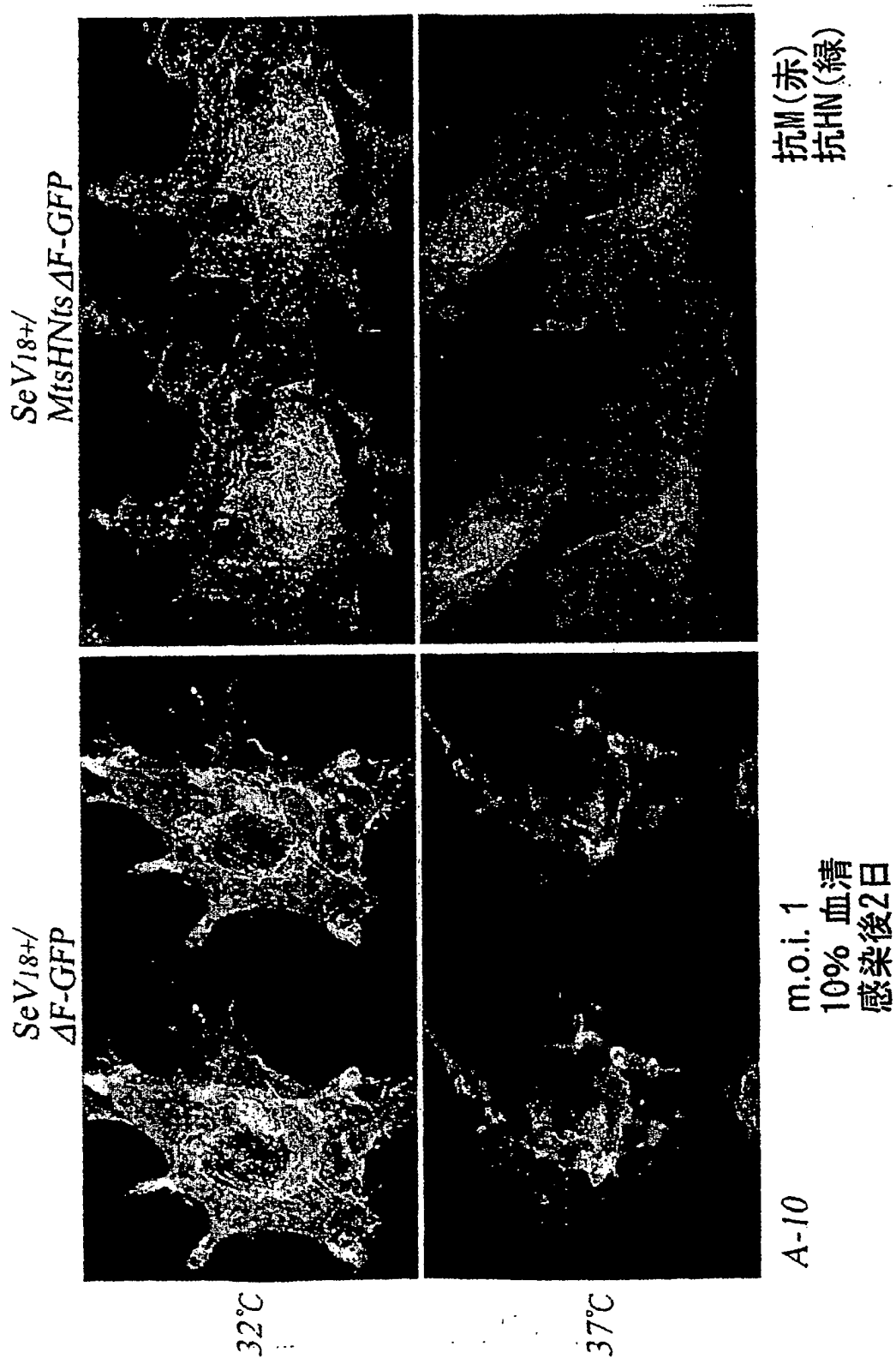
A-10

抗M(赤)
抗HN(緑)

m.o.i. 1
10%血清
32°Cインキュベーション
感染後2日

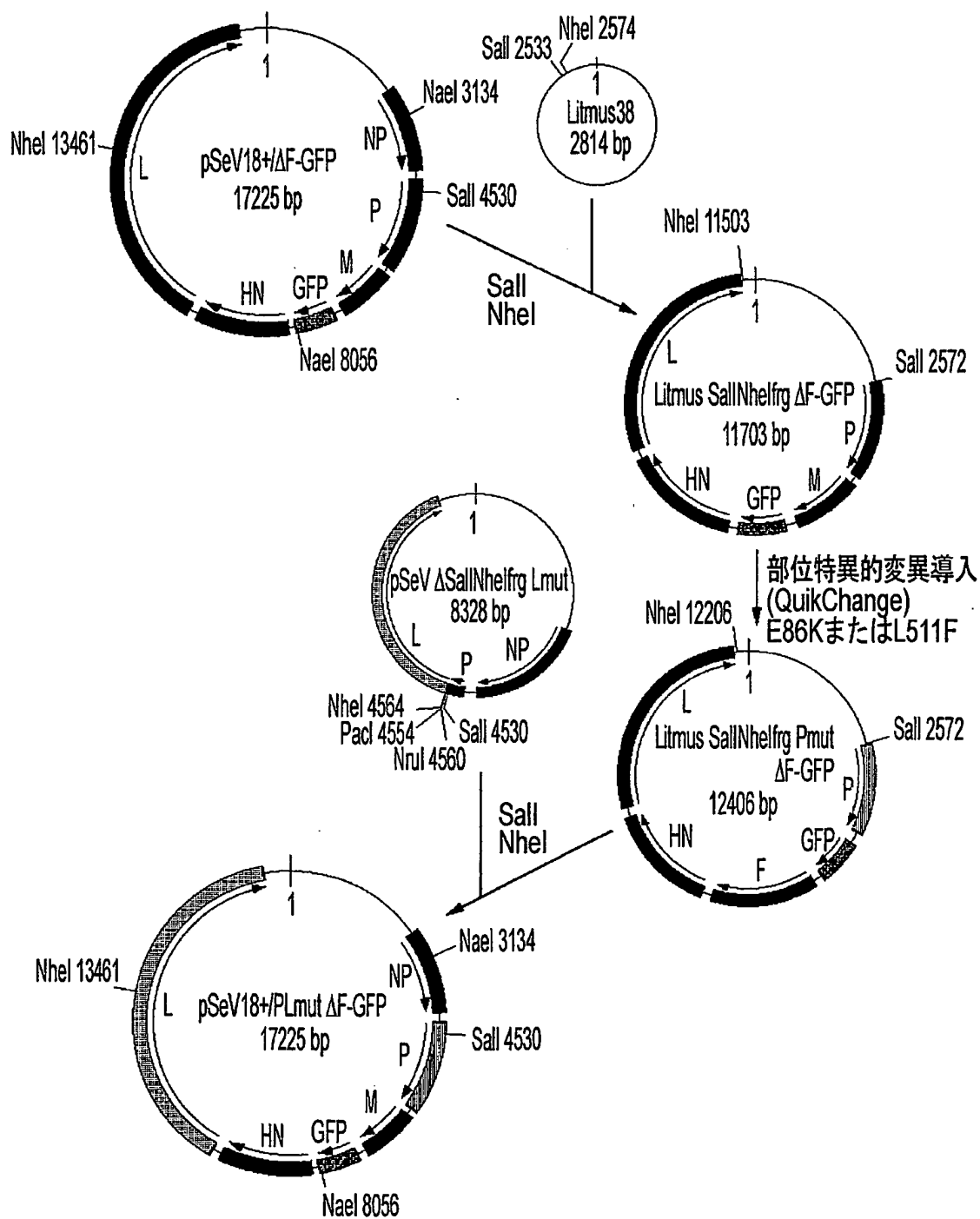
16 / 56

図 16



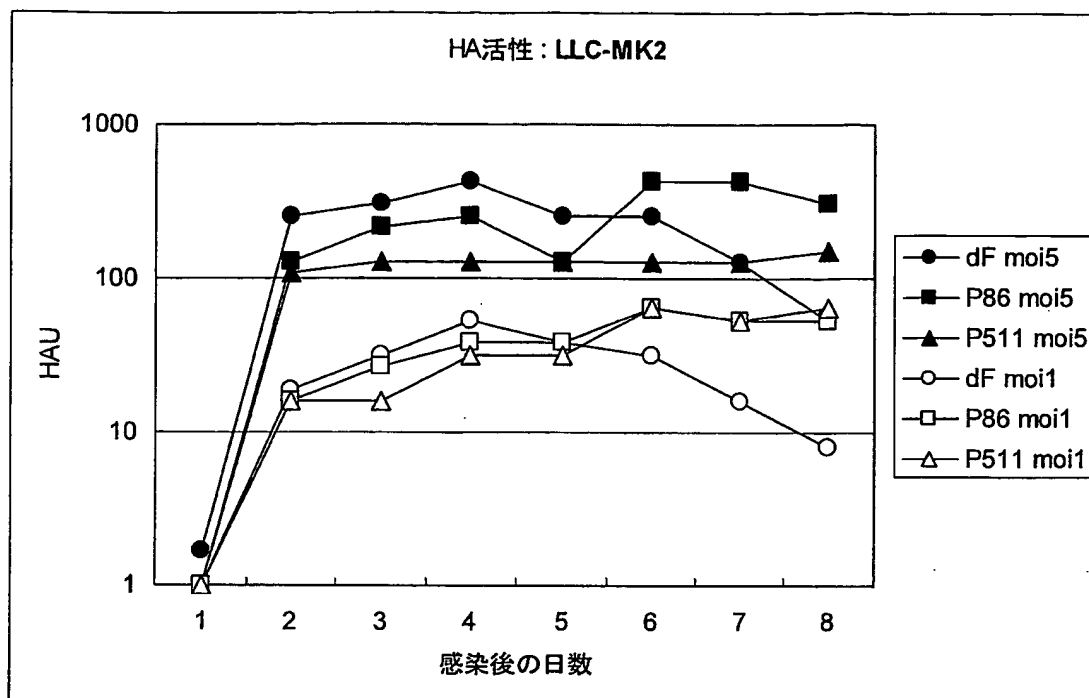
17 / 56

図 17



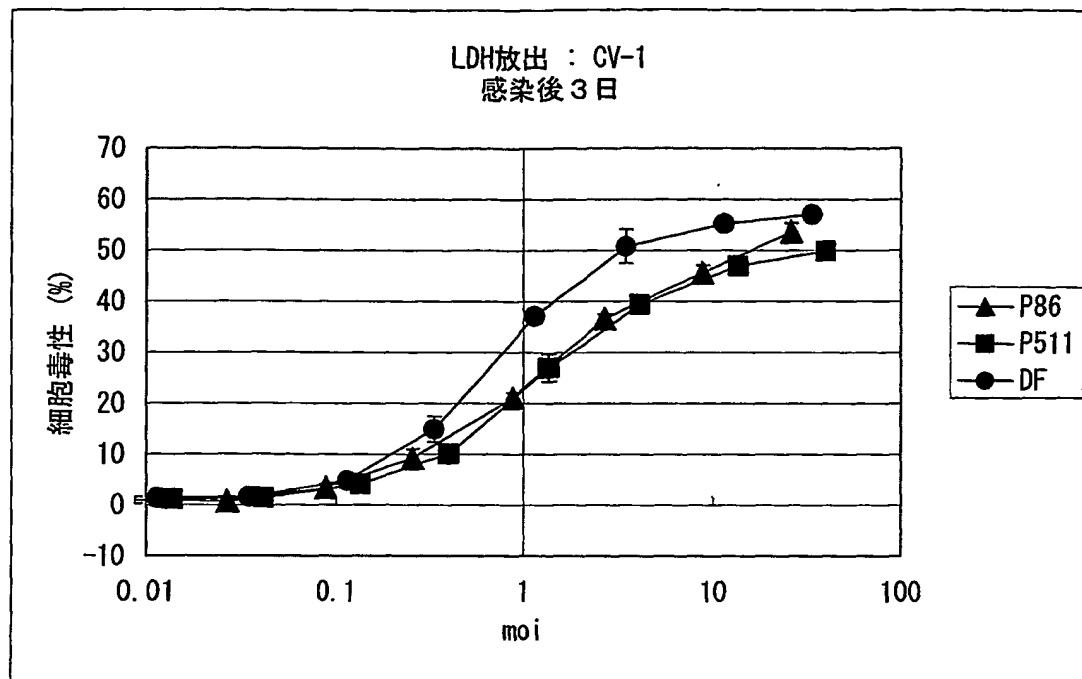
18 / 56

図 18



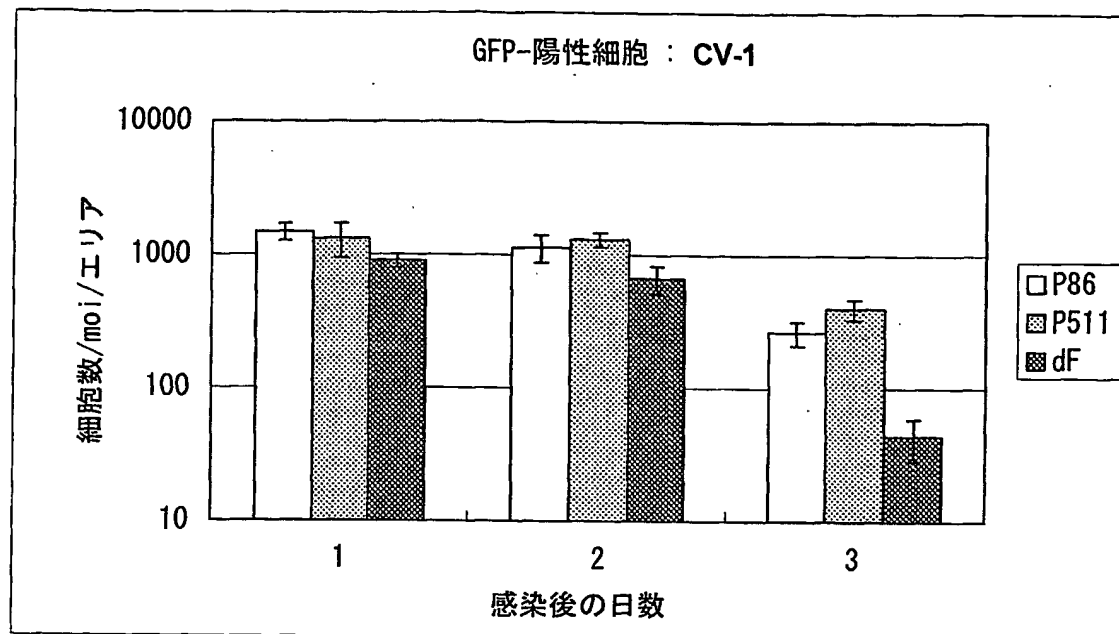
19 / 56

図 19



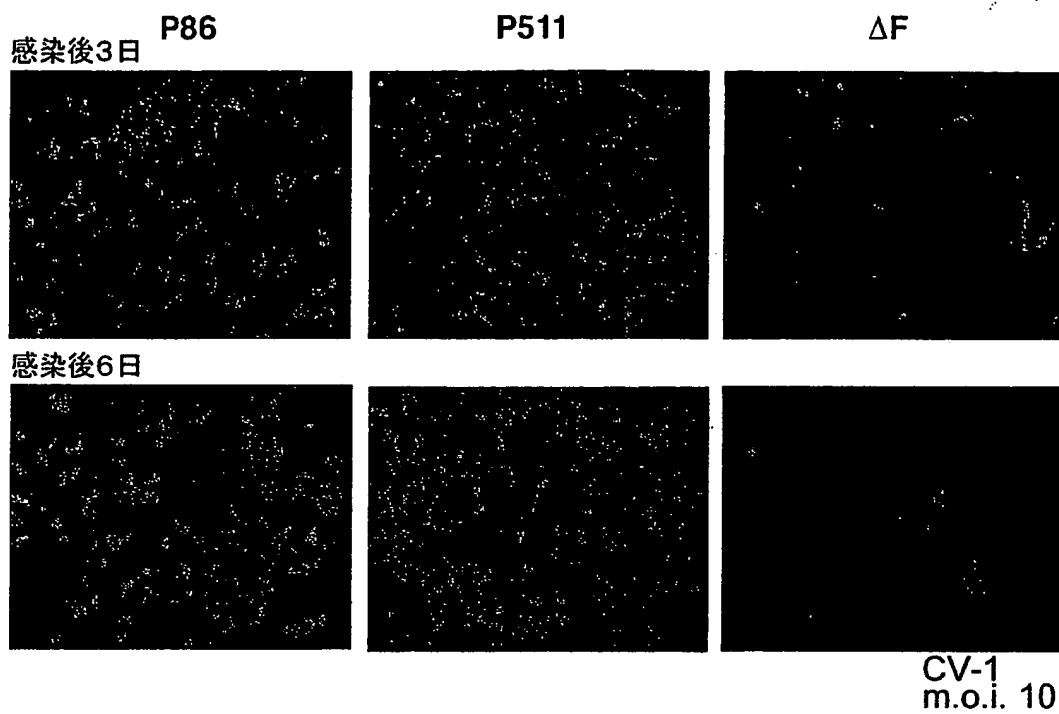
20 / 56

図 20



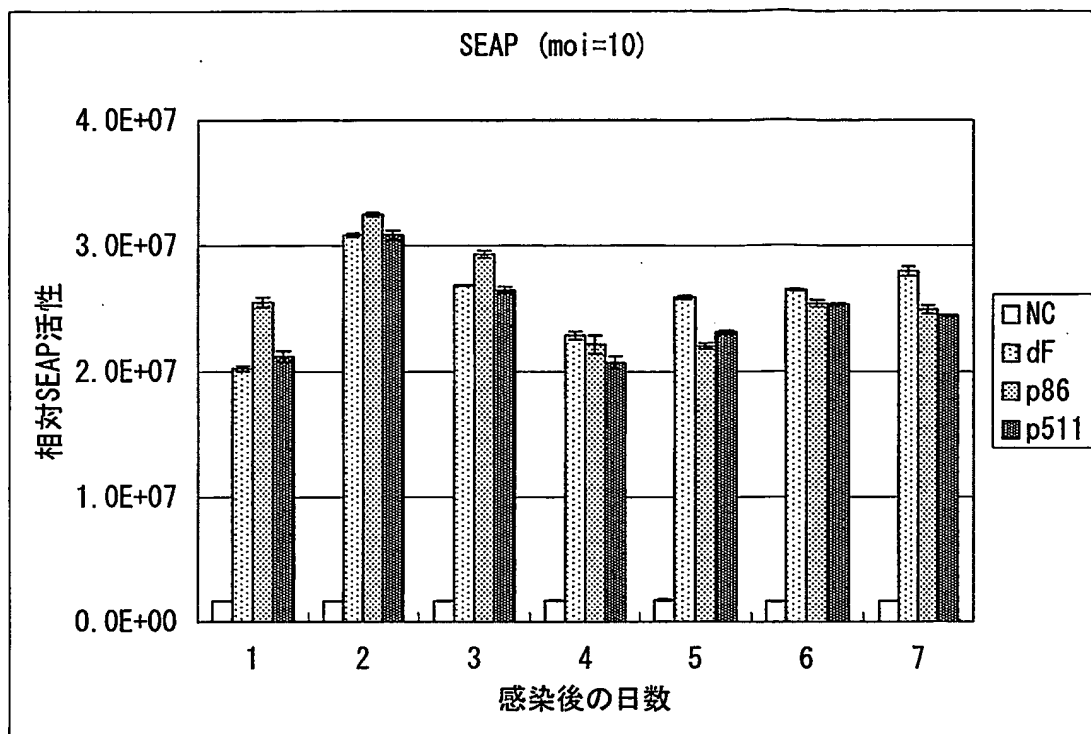
21 / 56

図 2 1



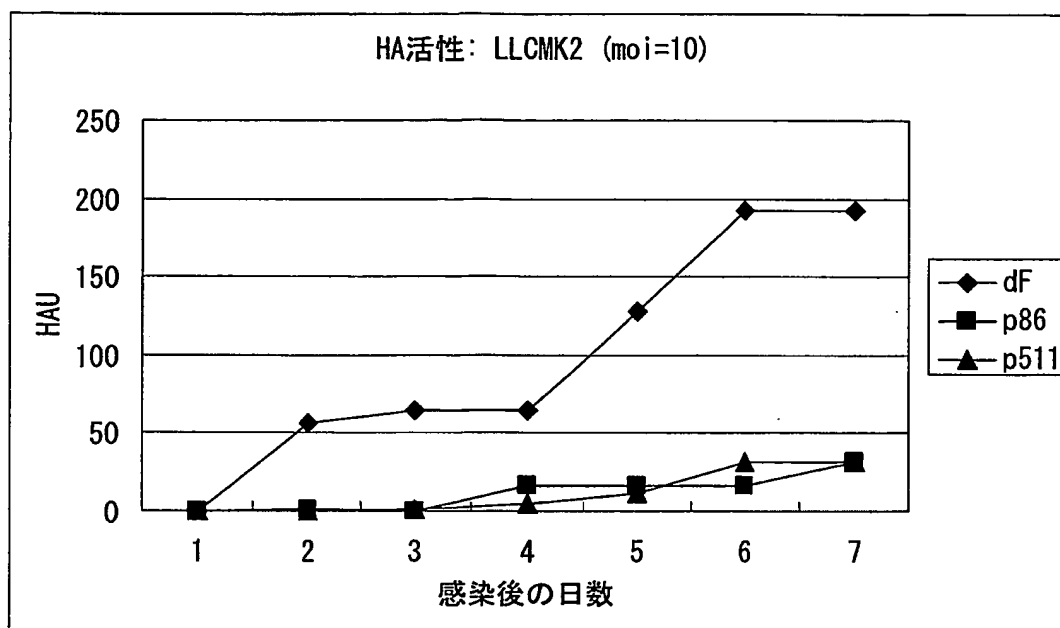
22 / 56

図 2 2



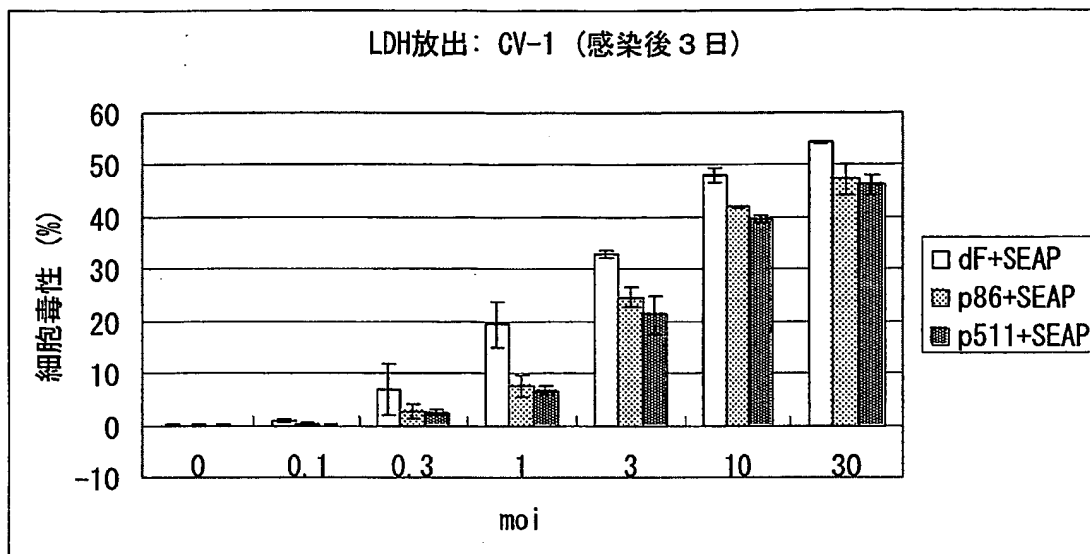
23 / 56

図 23



24 / 56

図 24



25 / 56

図 25

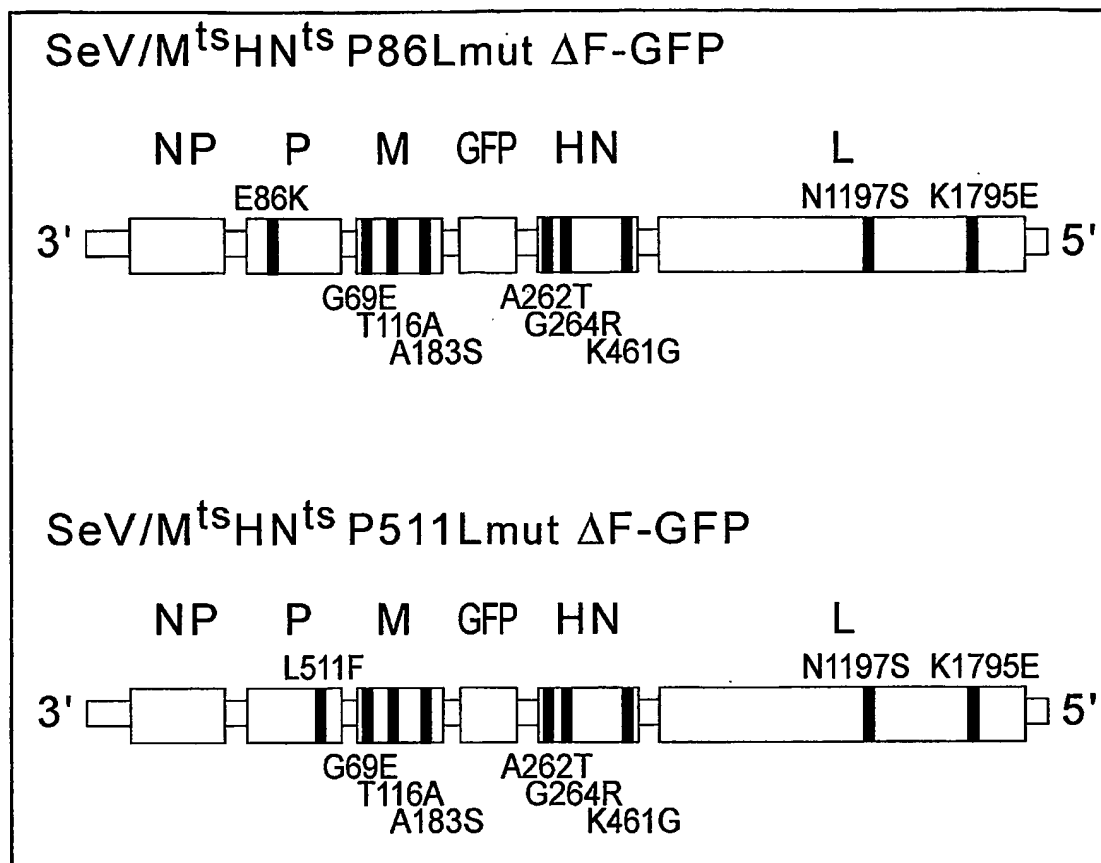
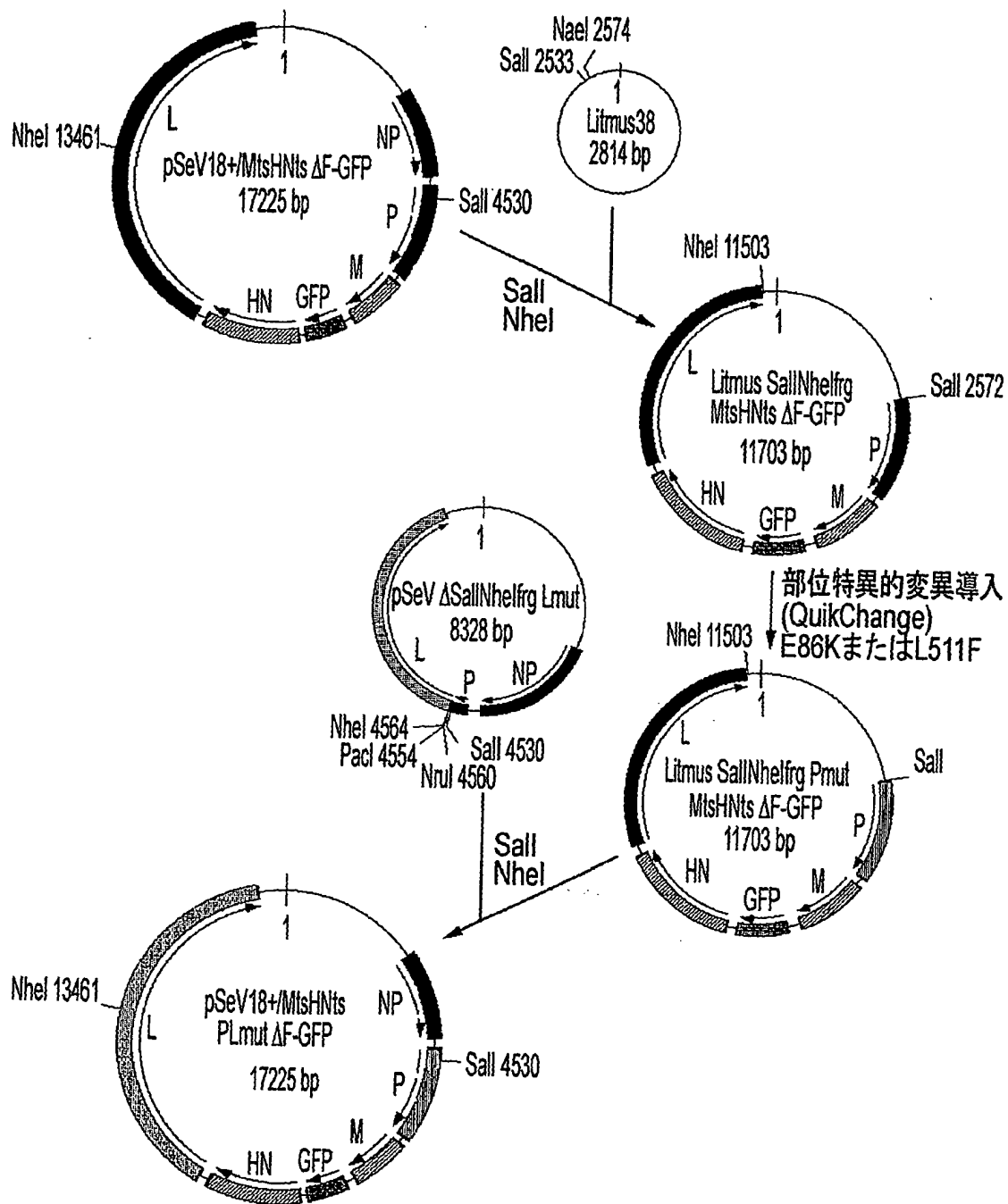
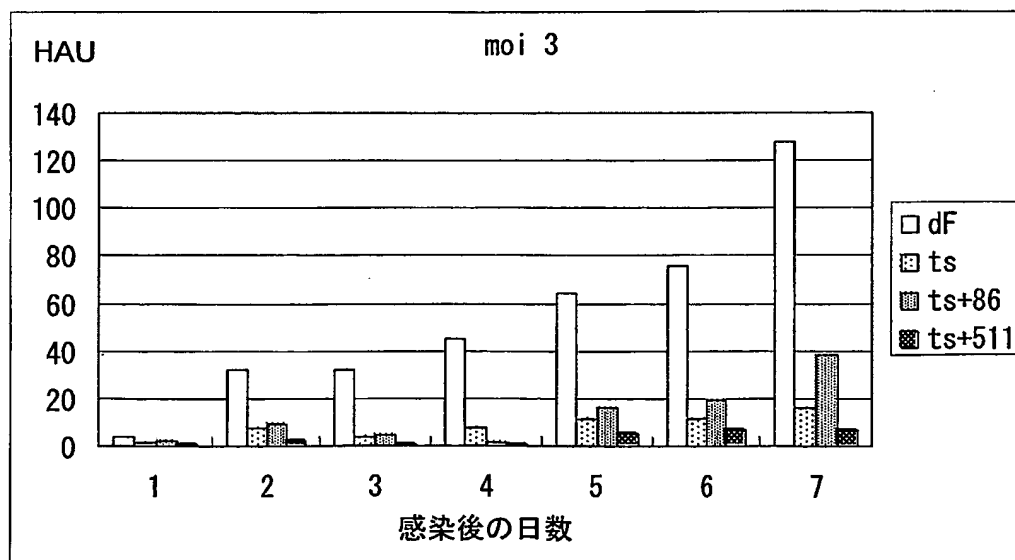
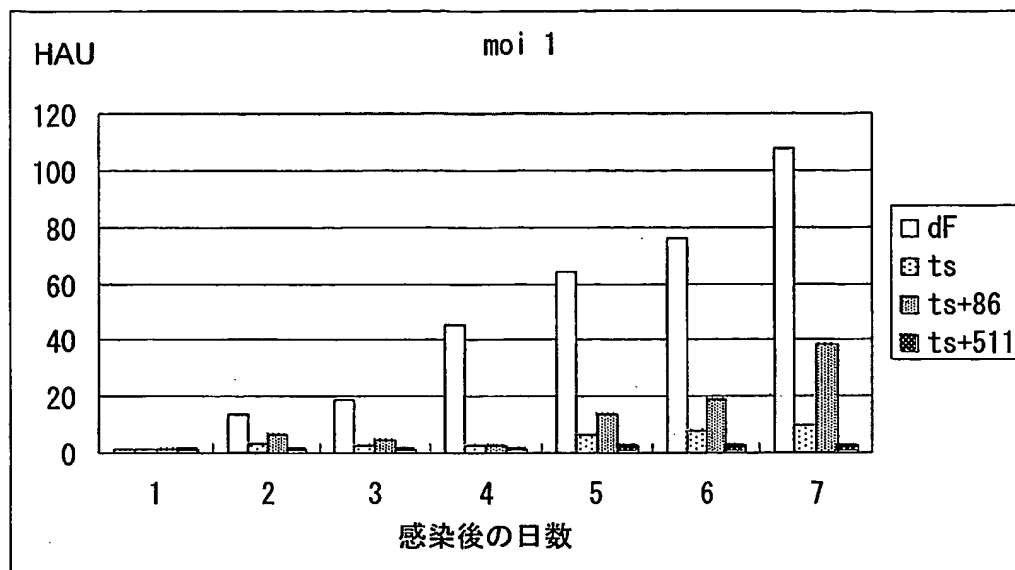


图 26



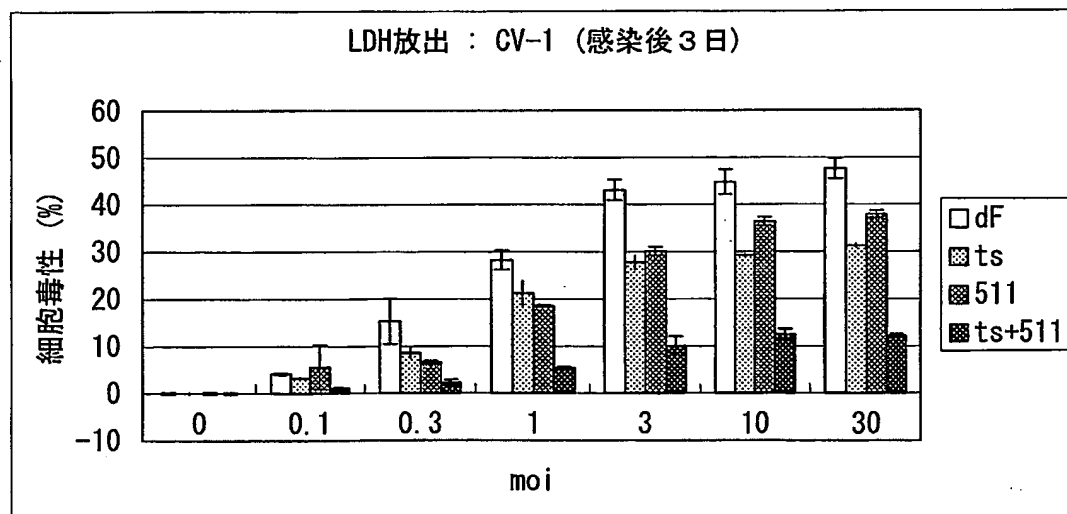
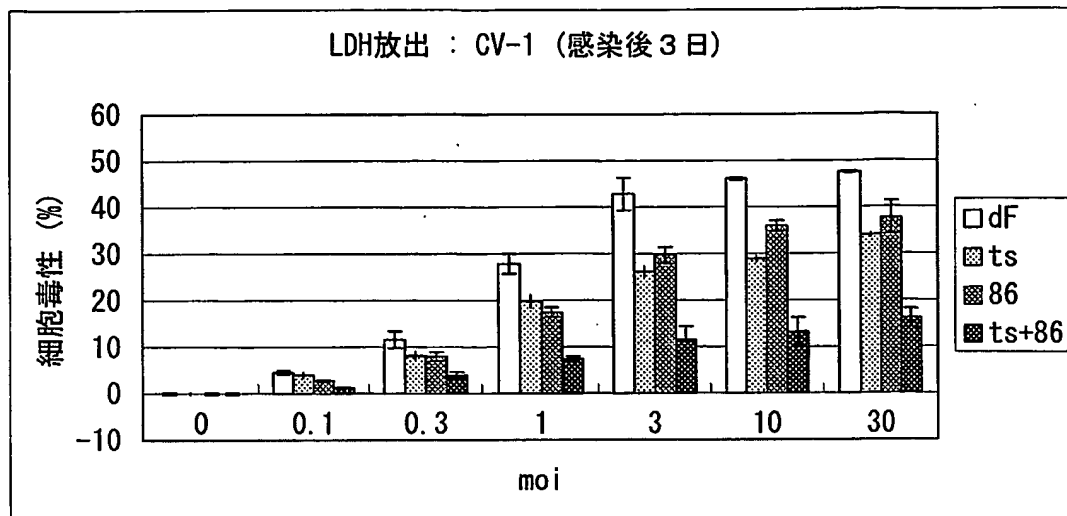
27 / 56

図 27



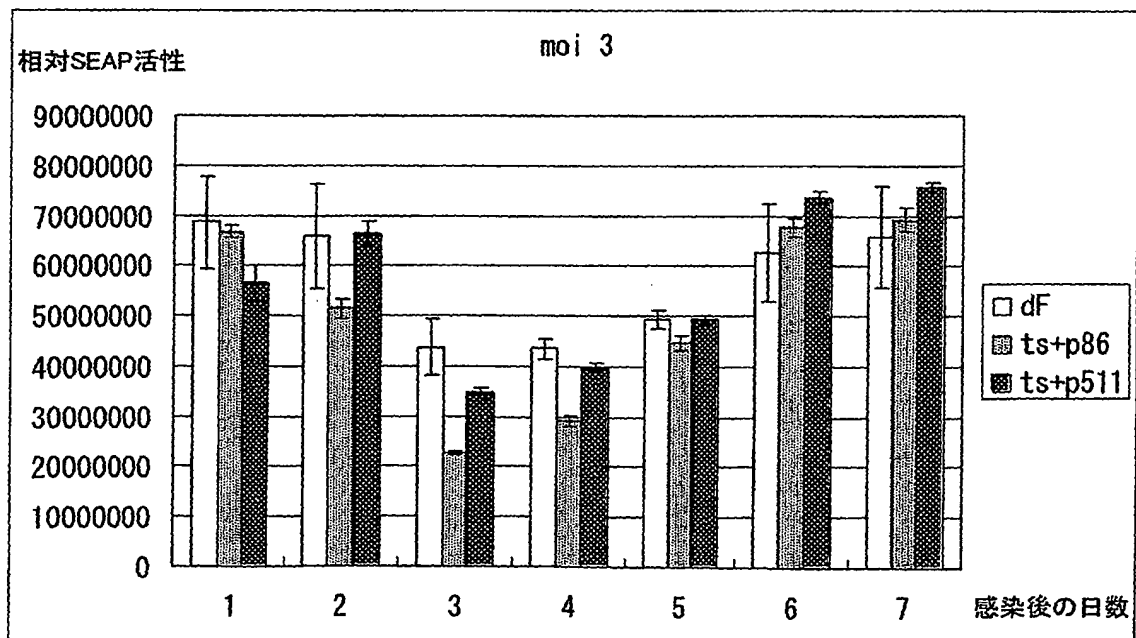
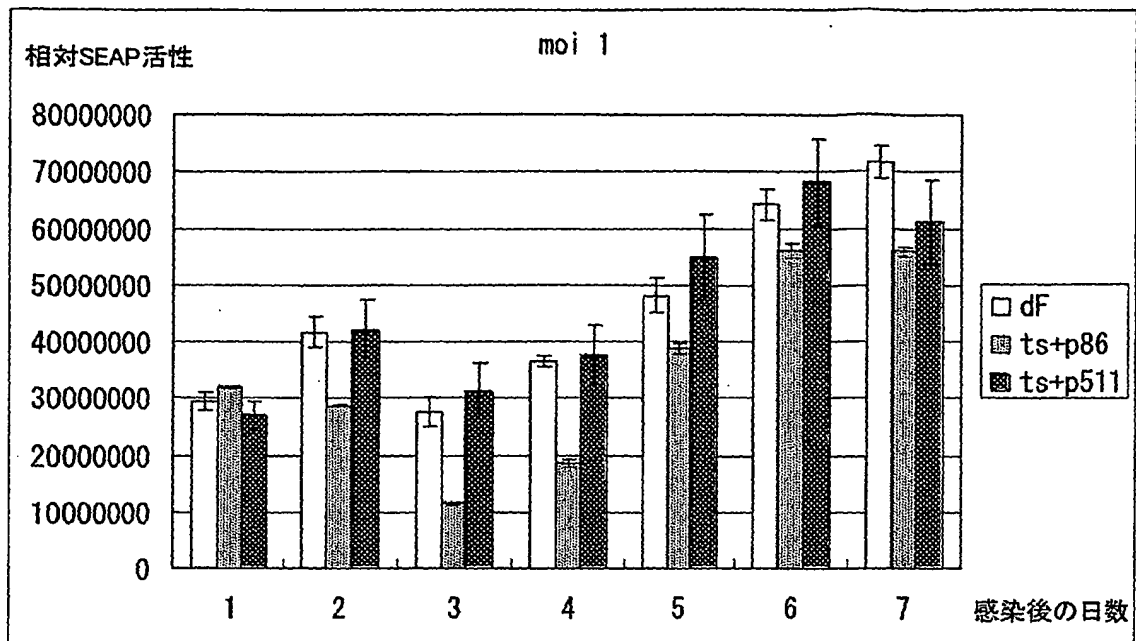
28 / 56

図 28



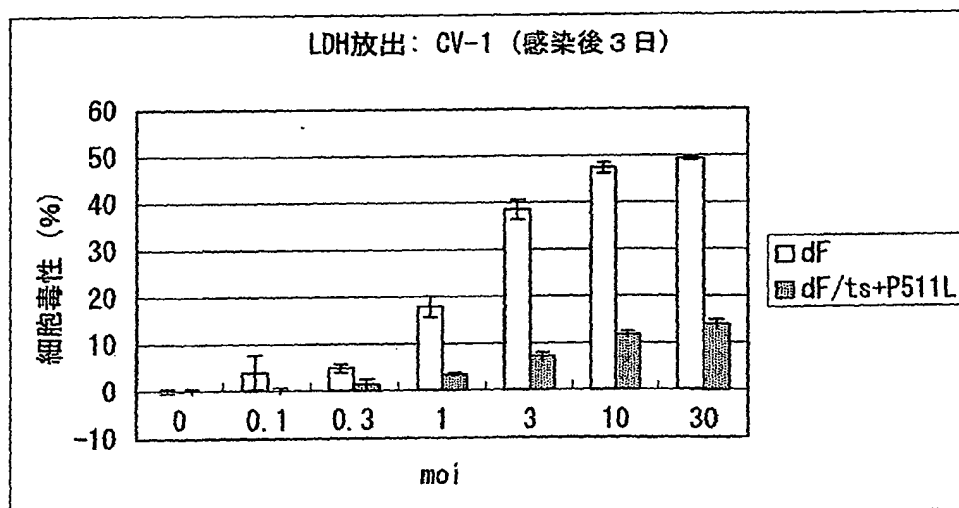
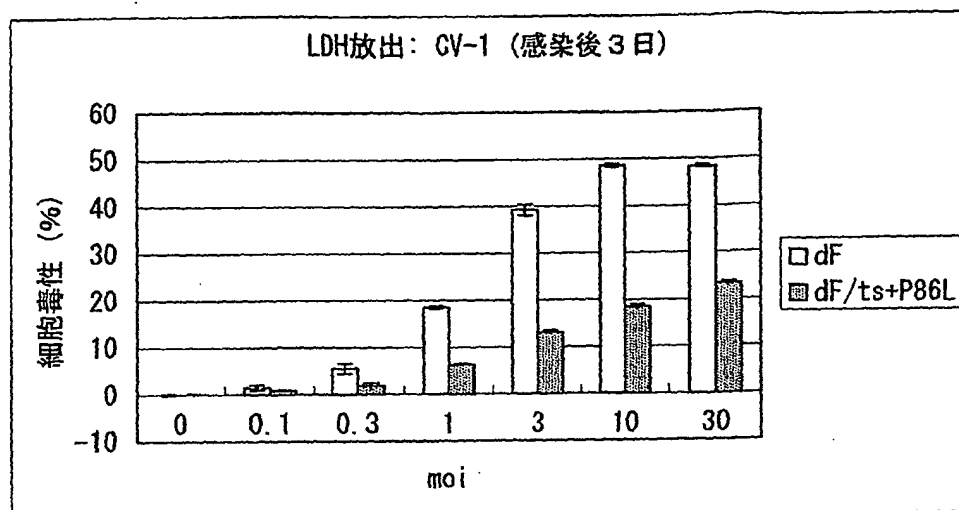
29 / 56

図 2 9



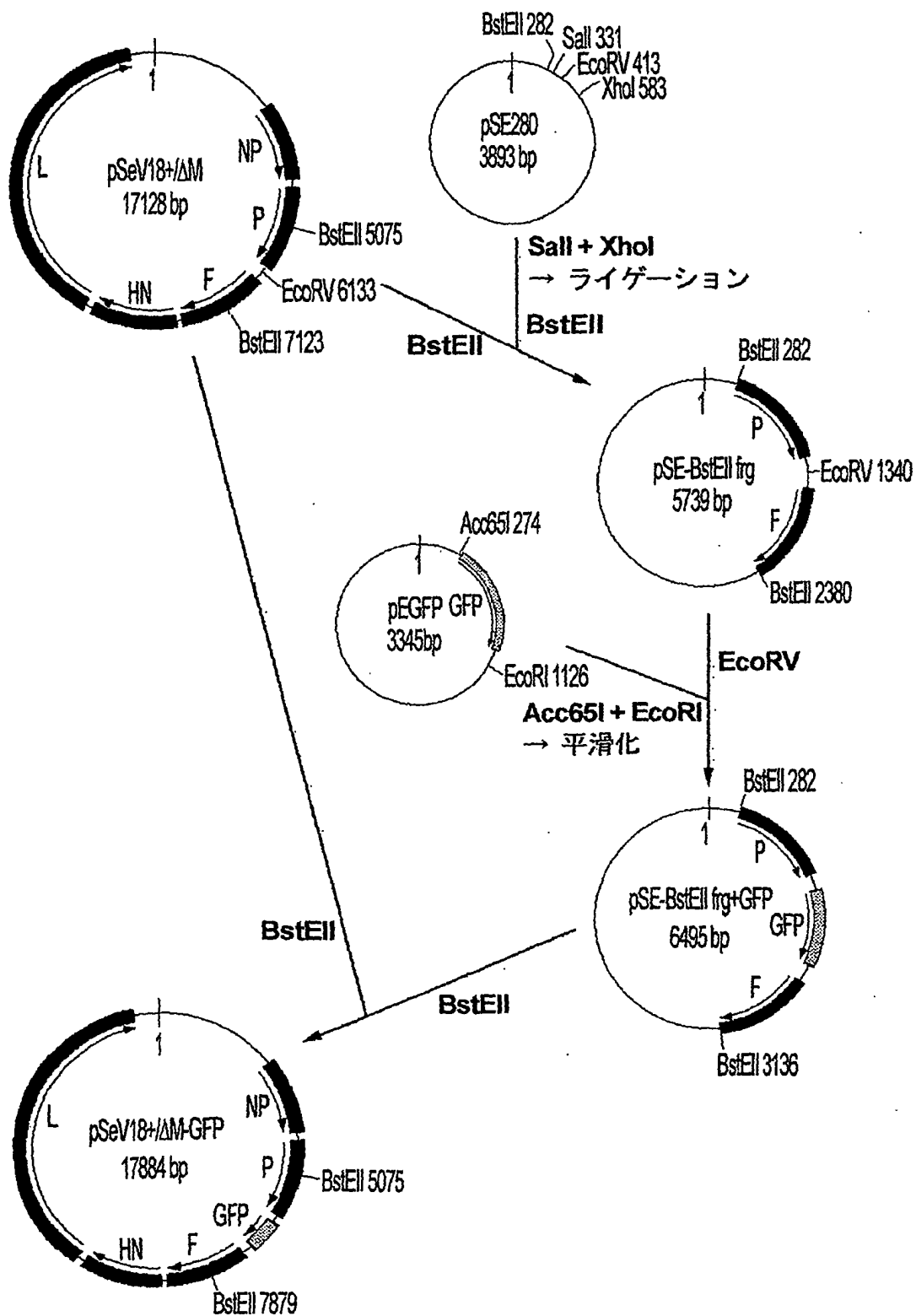
30 / 56

図 30



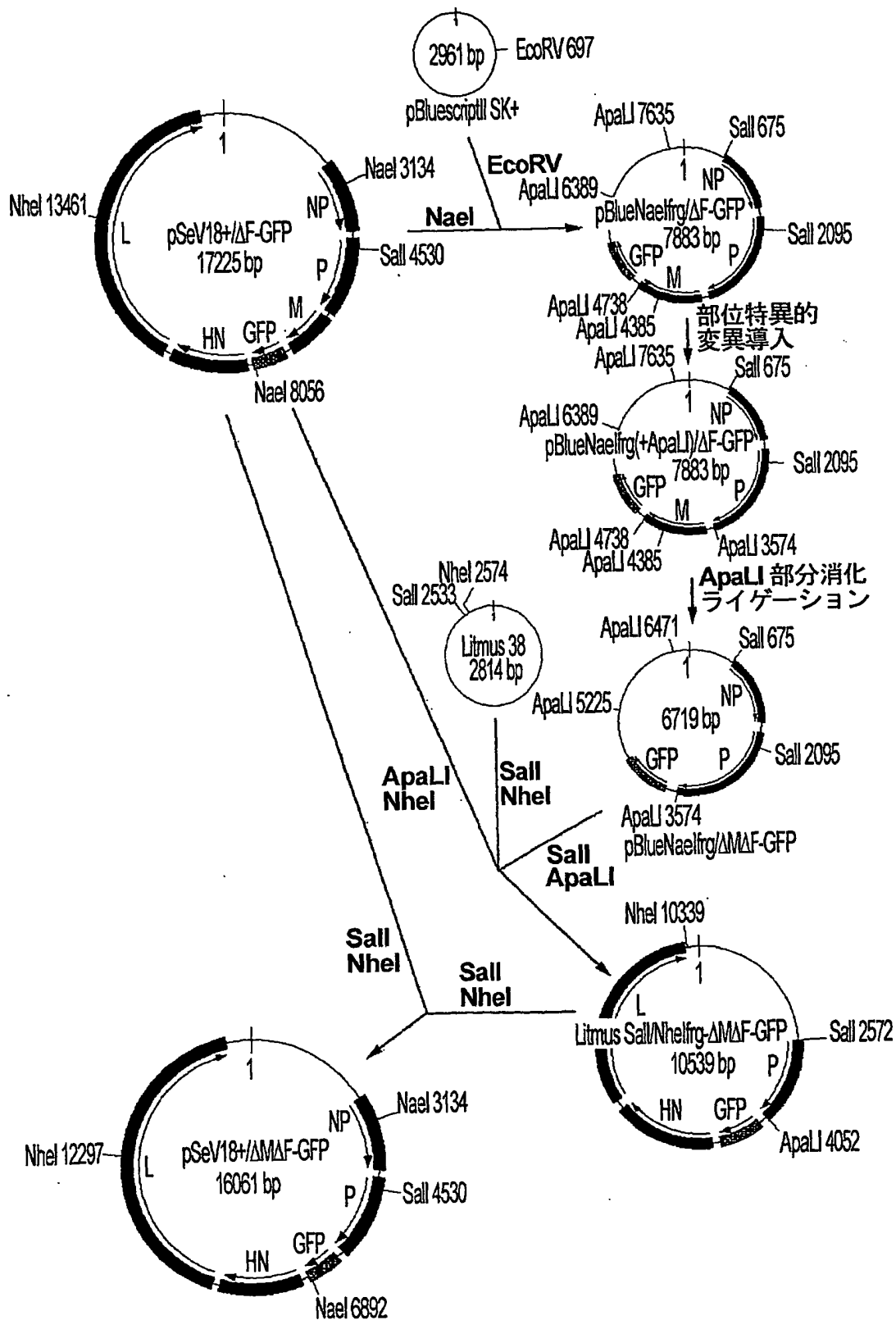
31 / 56

図 31



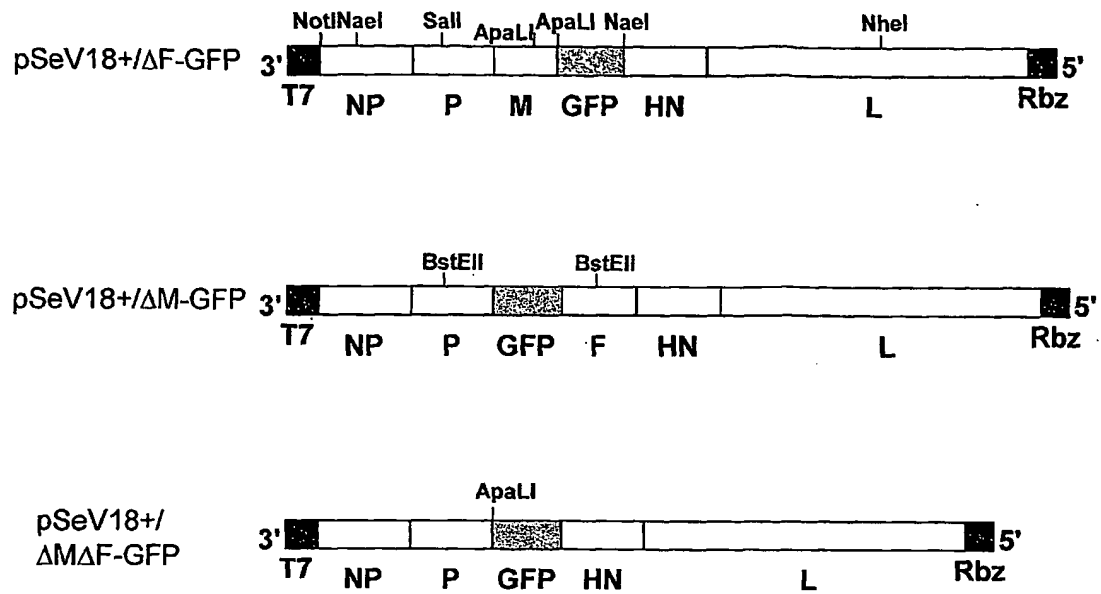
32 / 56

図 3 2



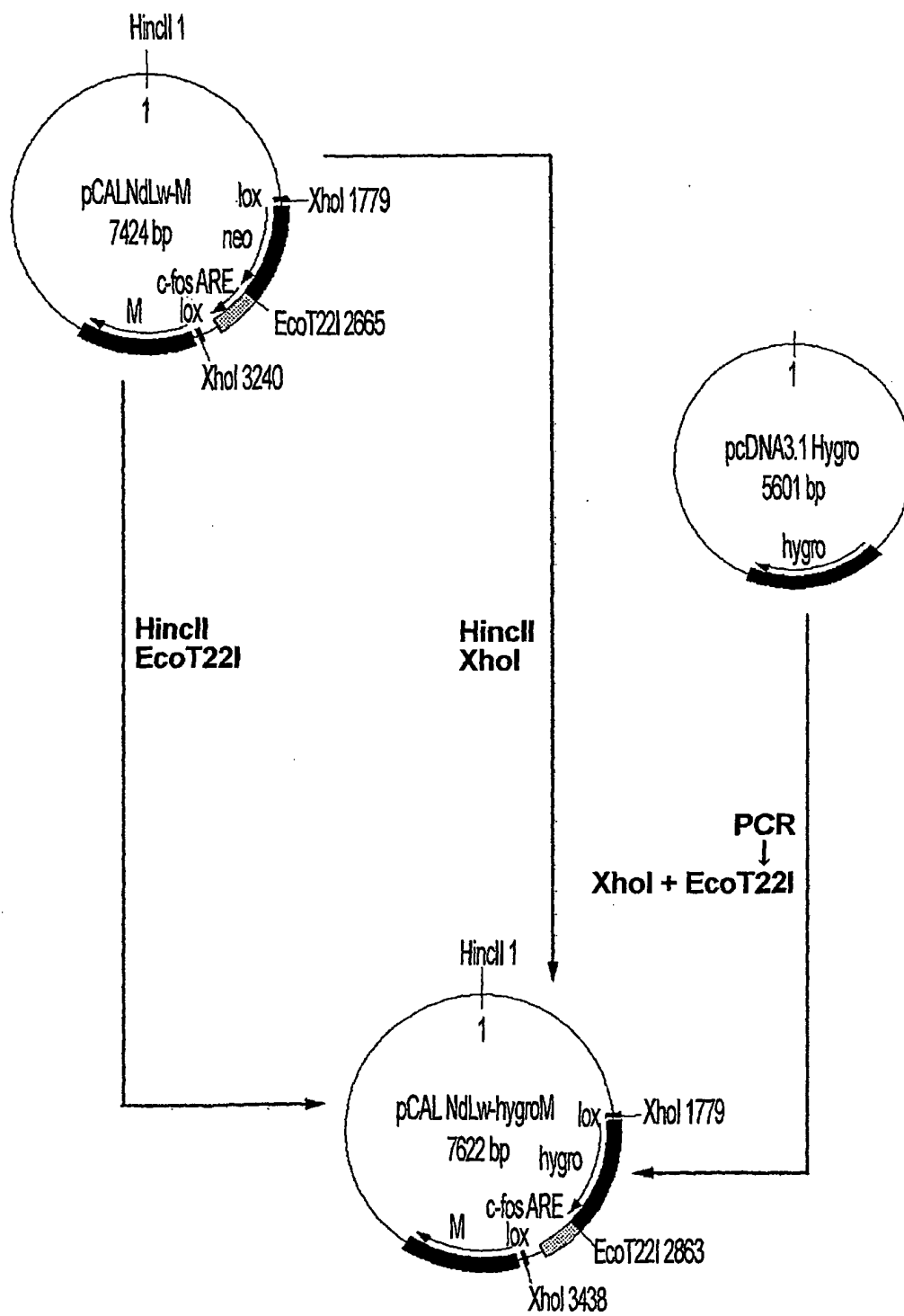
33 / 56

図 33



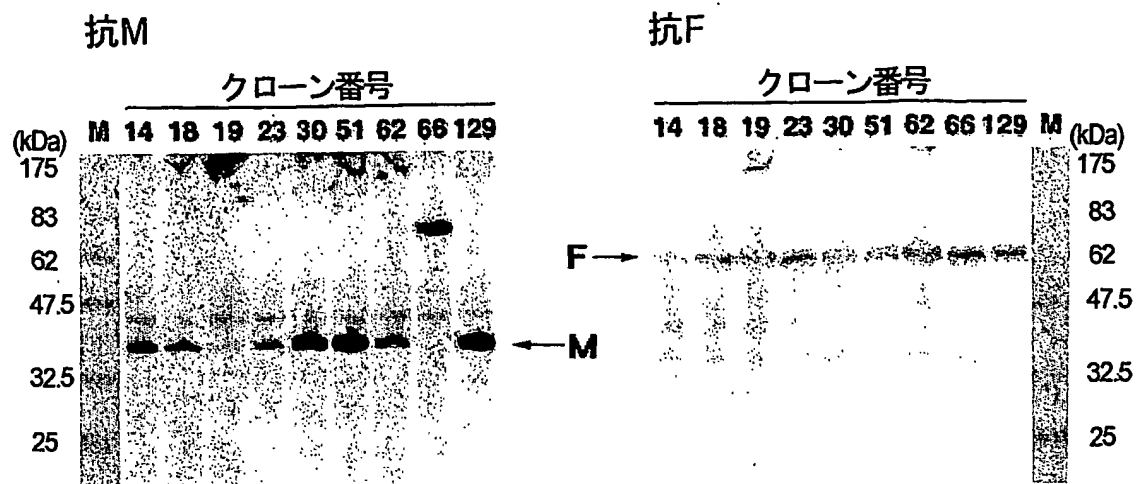
3.4 / 5 6

3 4



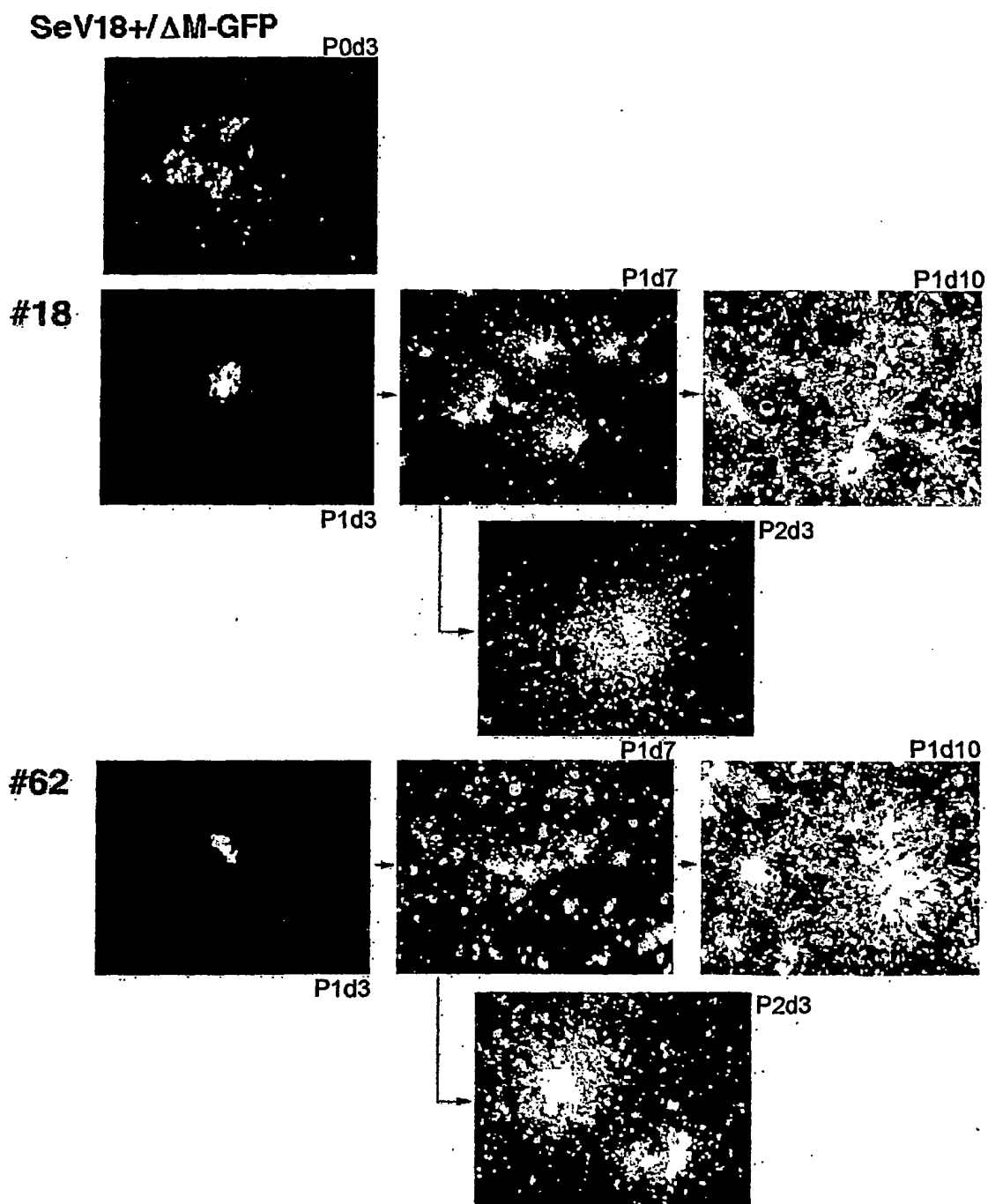
35 / 56

図 3 5



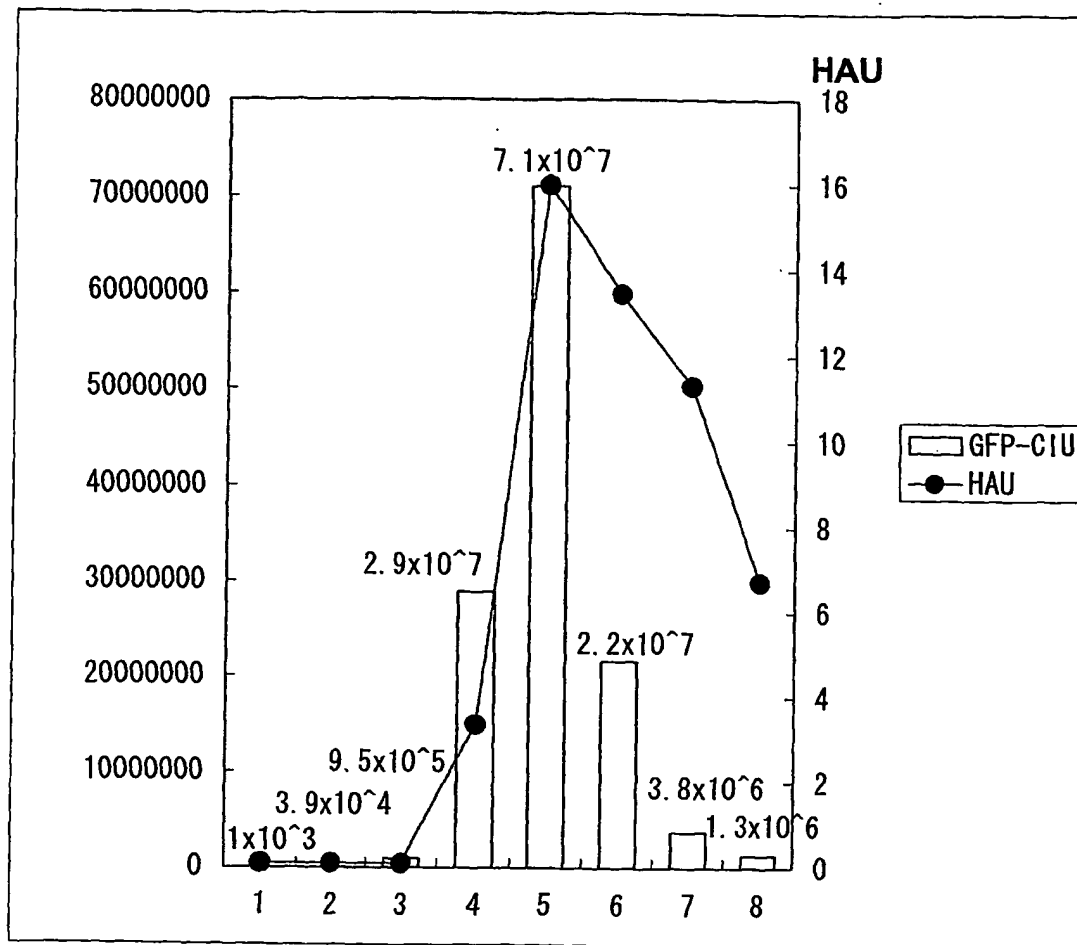
36 / 56

図 36



37 / 56

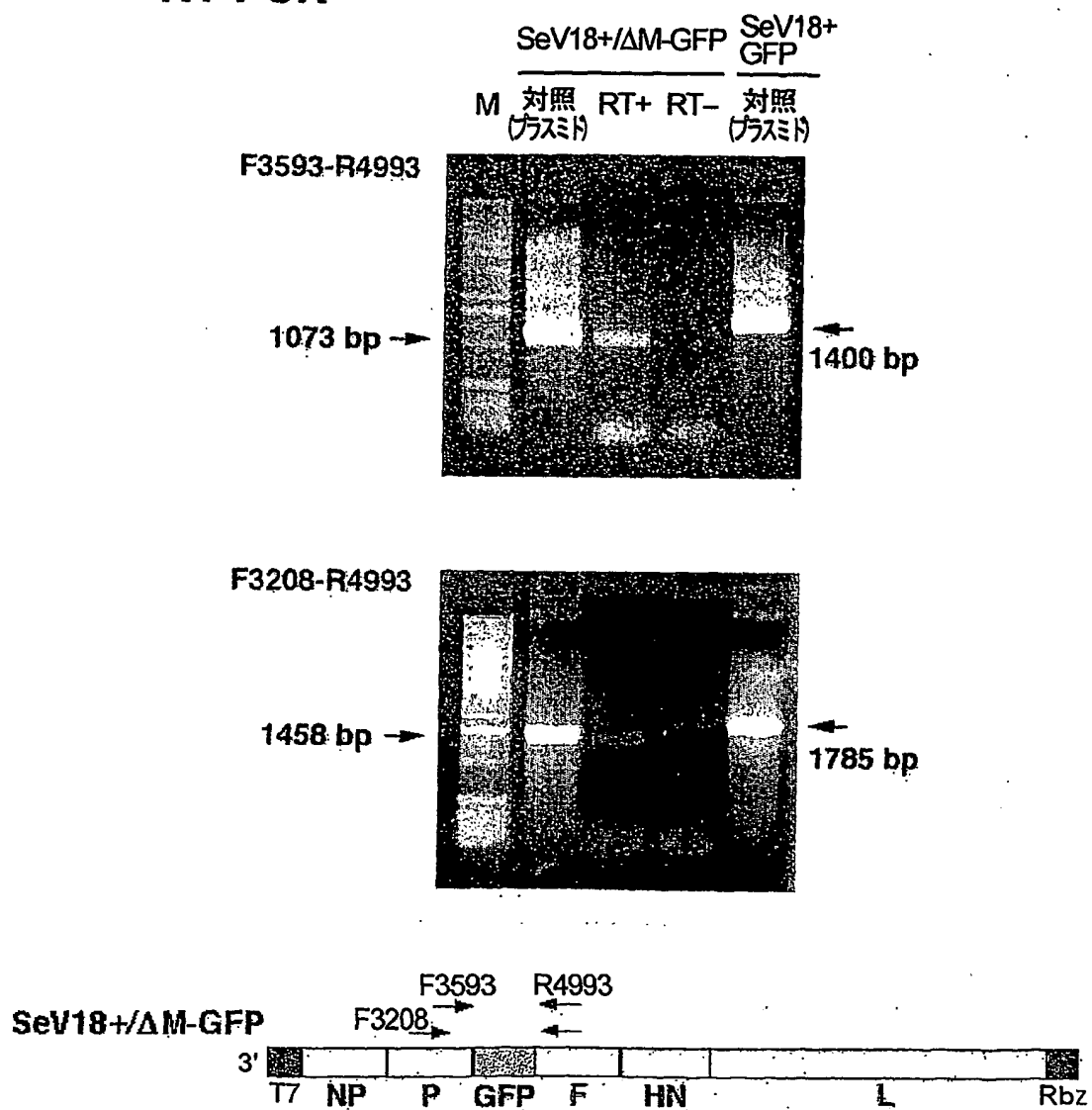
図 37



38 / 56

図 38

RT-PCR

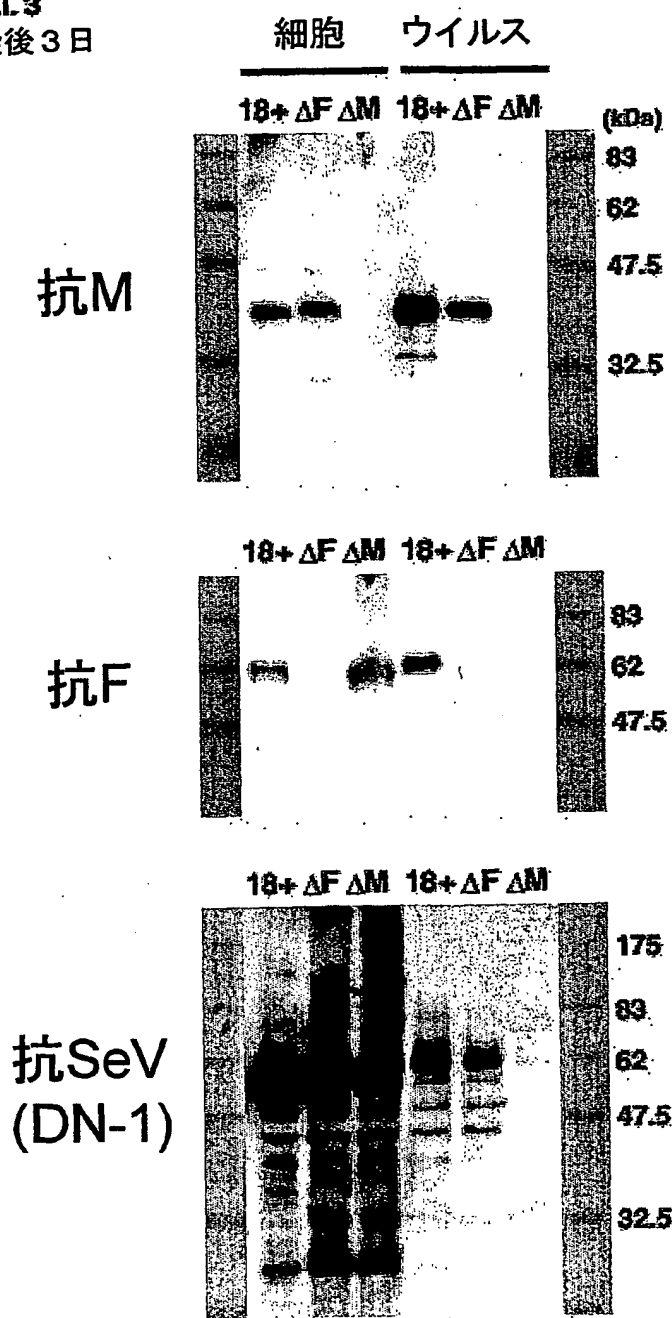


39 / 56

図 39

ウェスタンブロッティング

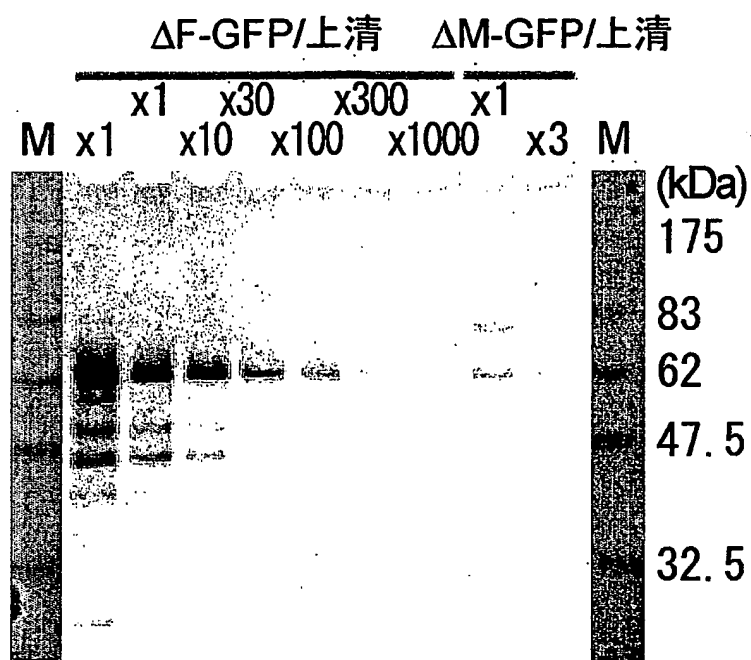
LLC-MK2
m.o.i. 3
感染後 3 日



40 / 56

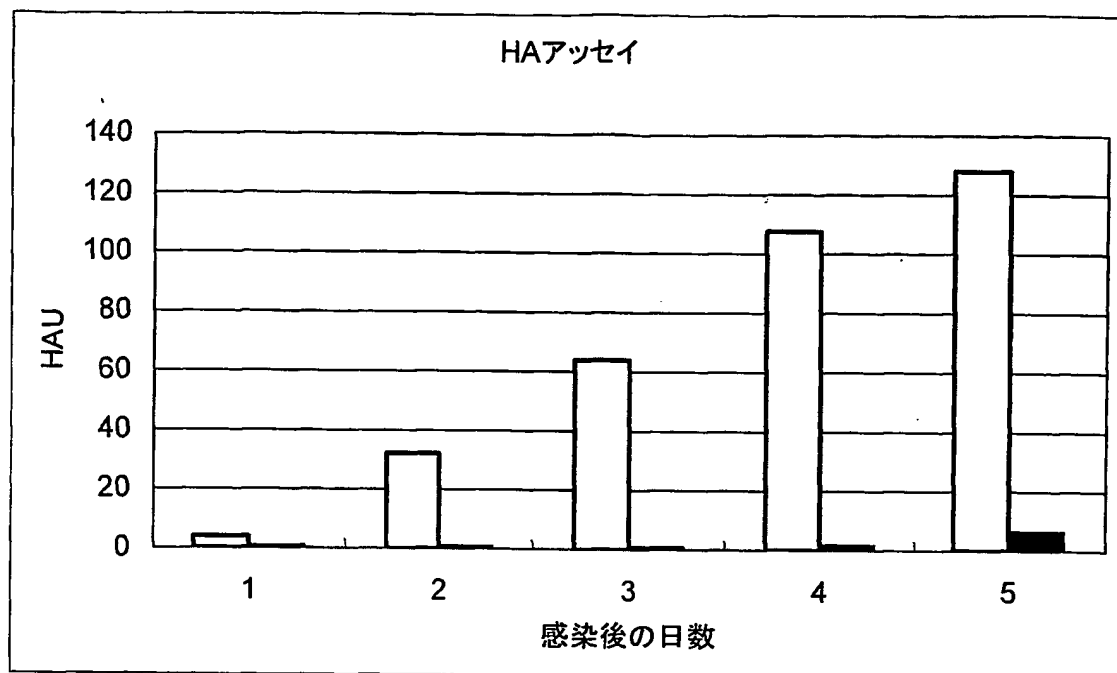
図 40

ウェスタンブロッティング: 抗SeV(DN-1)



41 / 56

図41



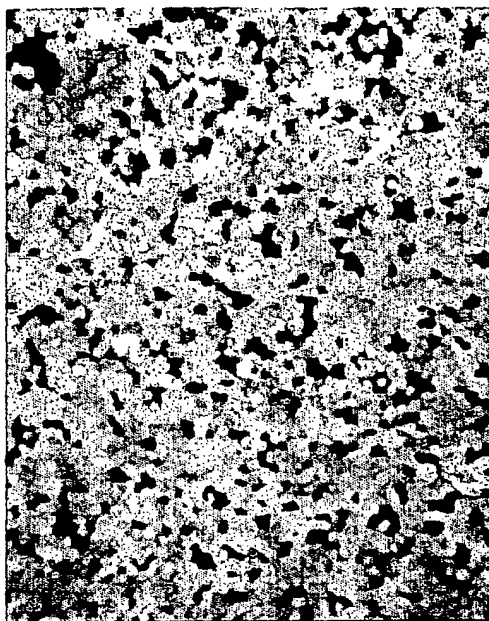
□ SeV18+/ΔF-GFP
■ SeV18+/ΔM-GFP

42 / 56

図 42

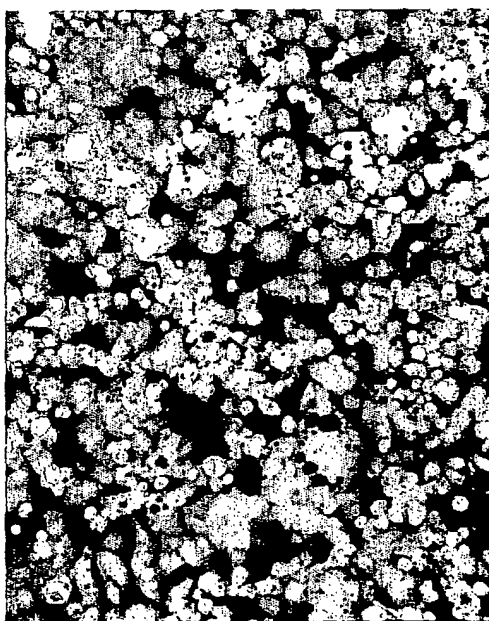
LLC-MK2
感染後 5 日

SeV18+/ΔF-GFP



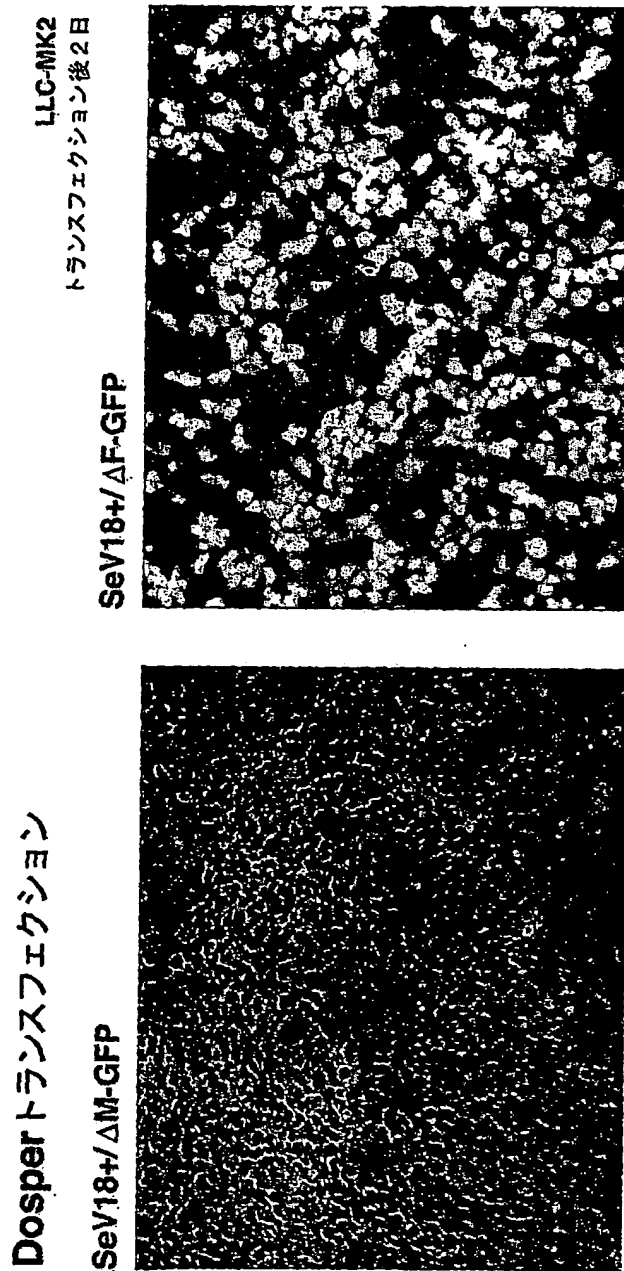
SeV18+/ΔM-GFPの細胞毒性

SeV18+/ΔM-GFP



43 / 56

図 43

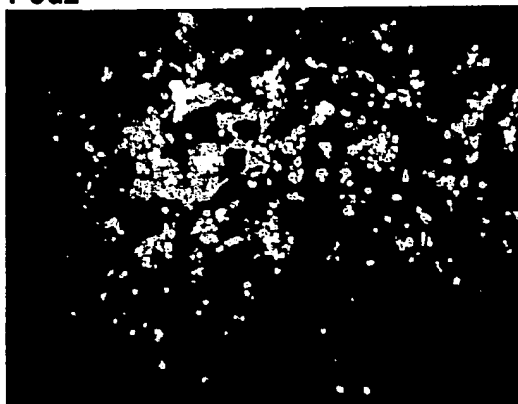


44 / 56

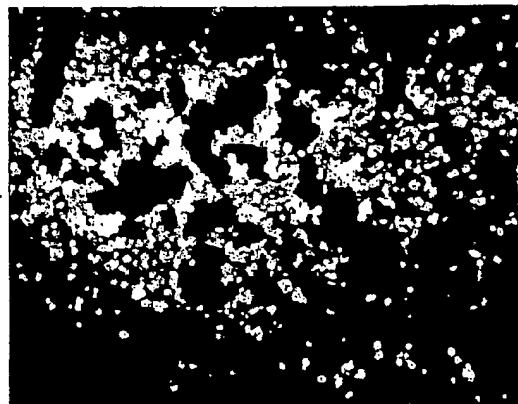
図 4 4

SeV18+/ΔMΔF-GFP 再構成

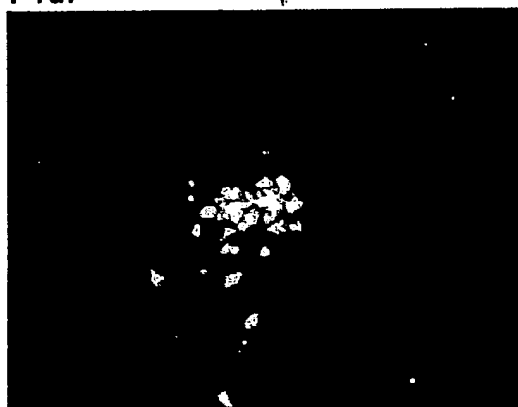
P0d2



P0d3



P1d7



P1d10



45 / 56

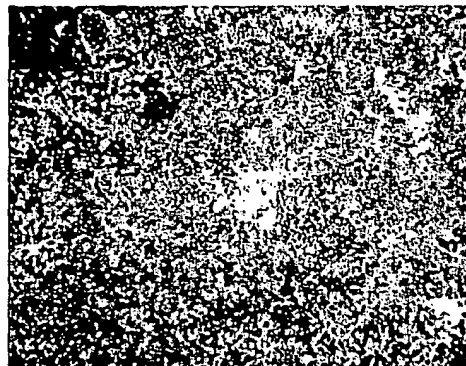
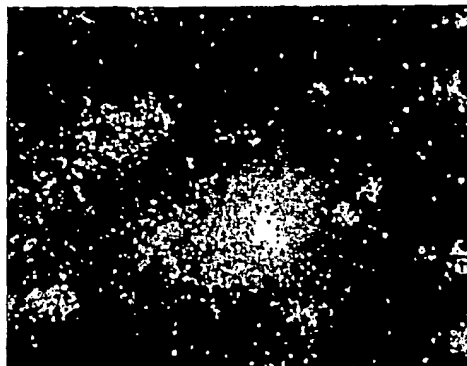
図 45

LLC-MK2/F7/M62/A

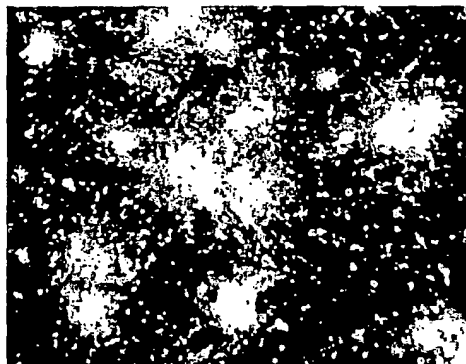
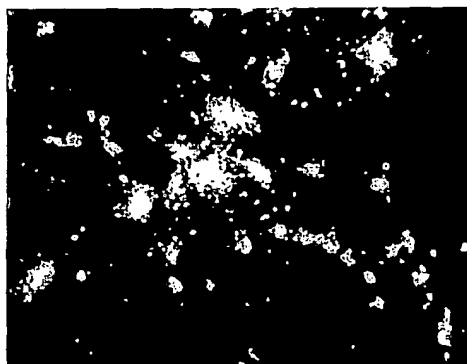
感染後 3 日

感染後 5 日

SeV18+/
 Δ F-GFP

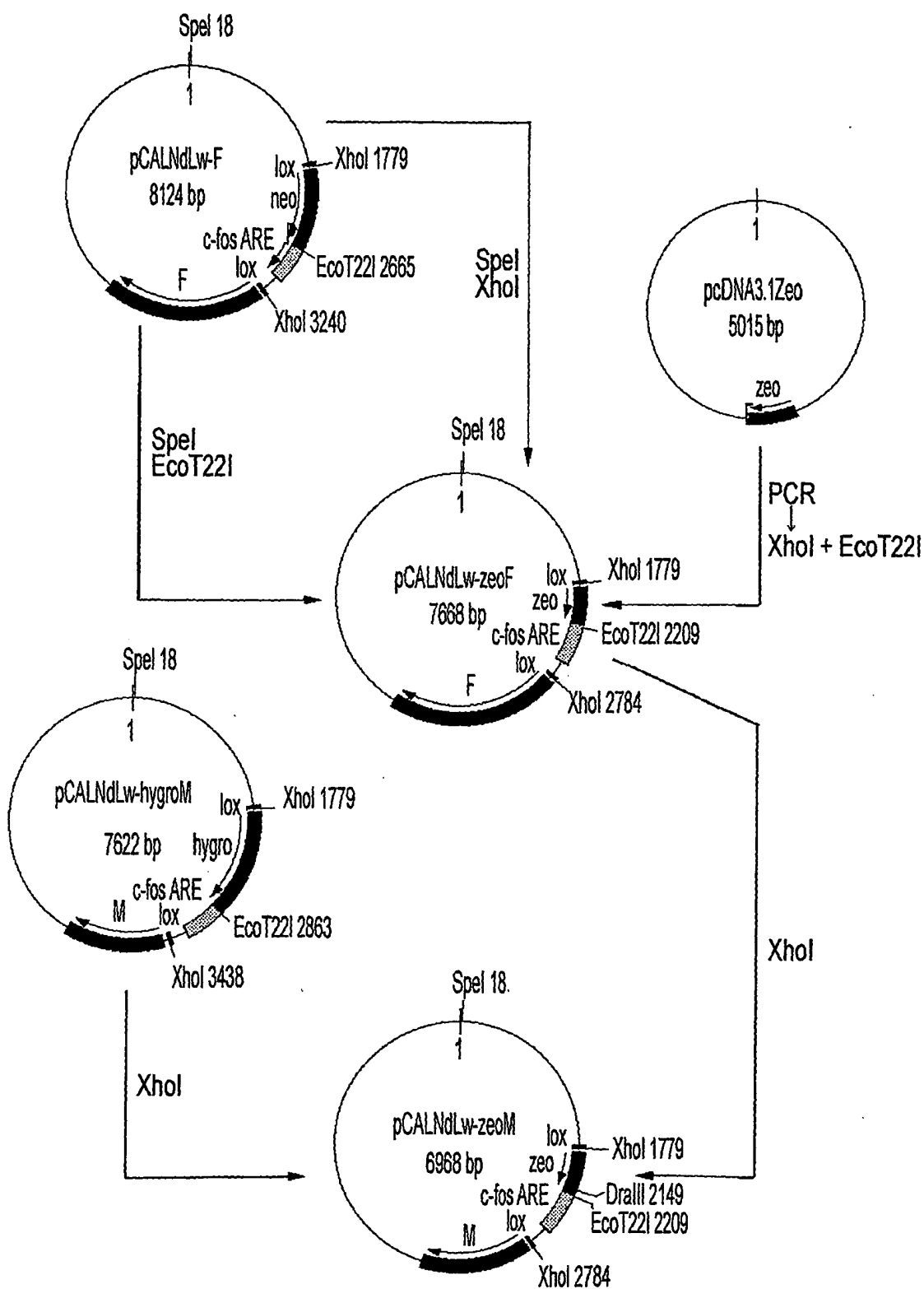


SeV18+/
 Δ M-GFP



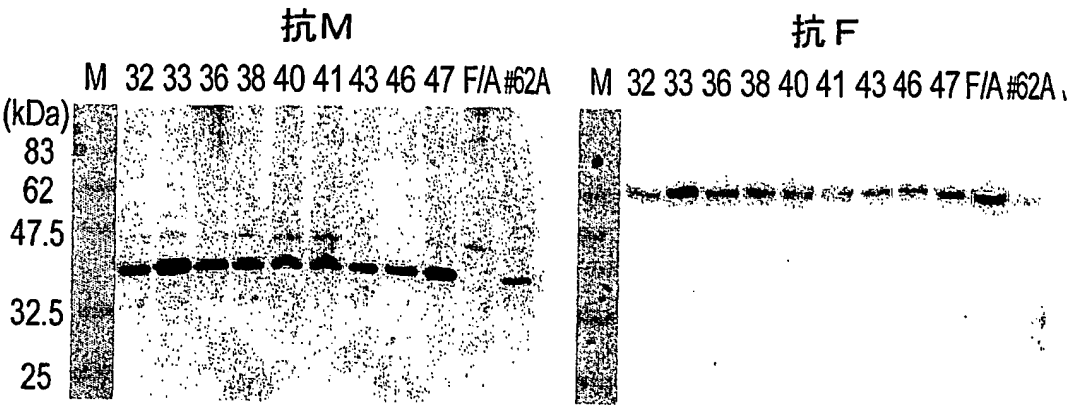
46 / 56

図 46



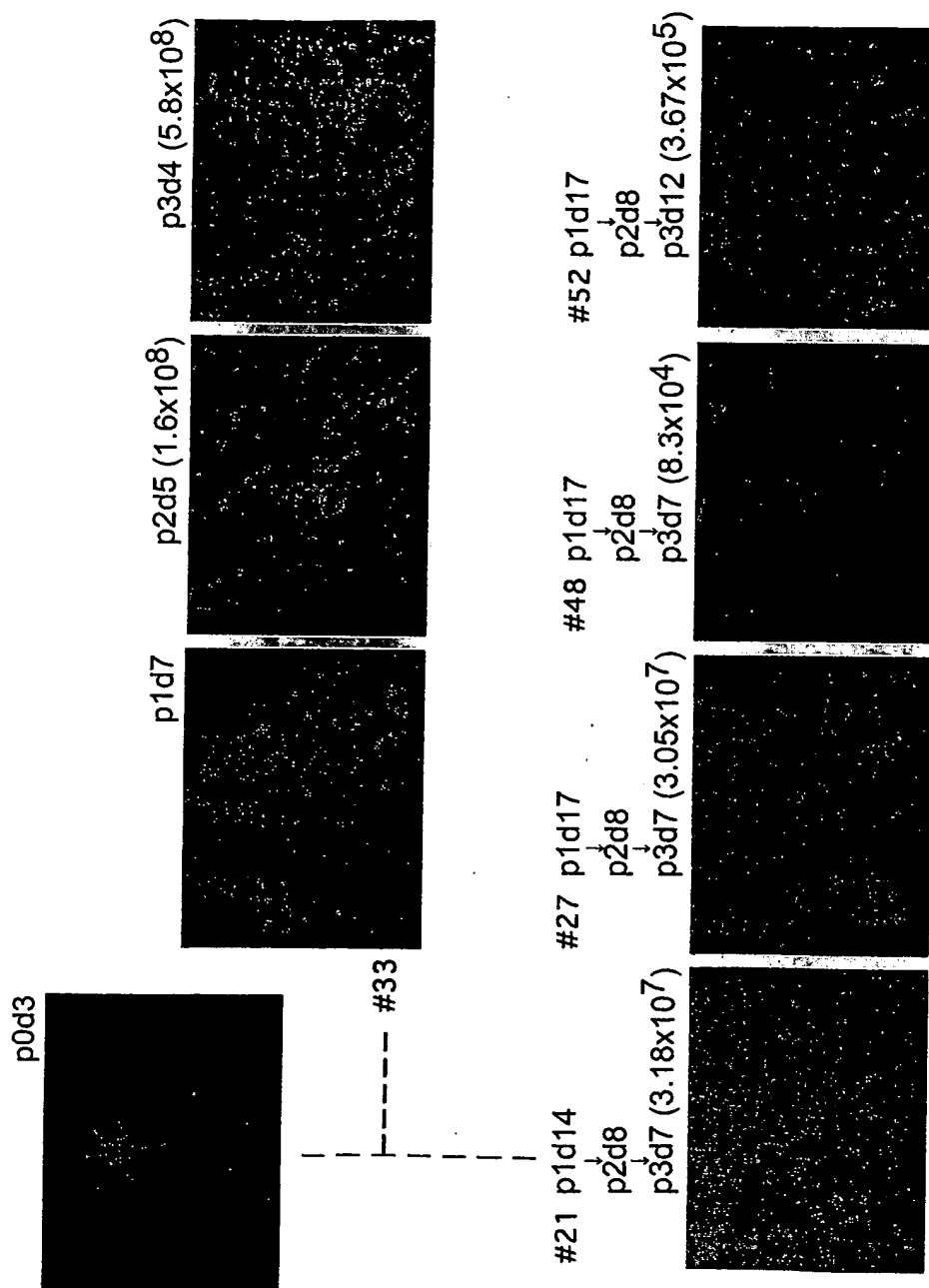
47 / 56

図 47



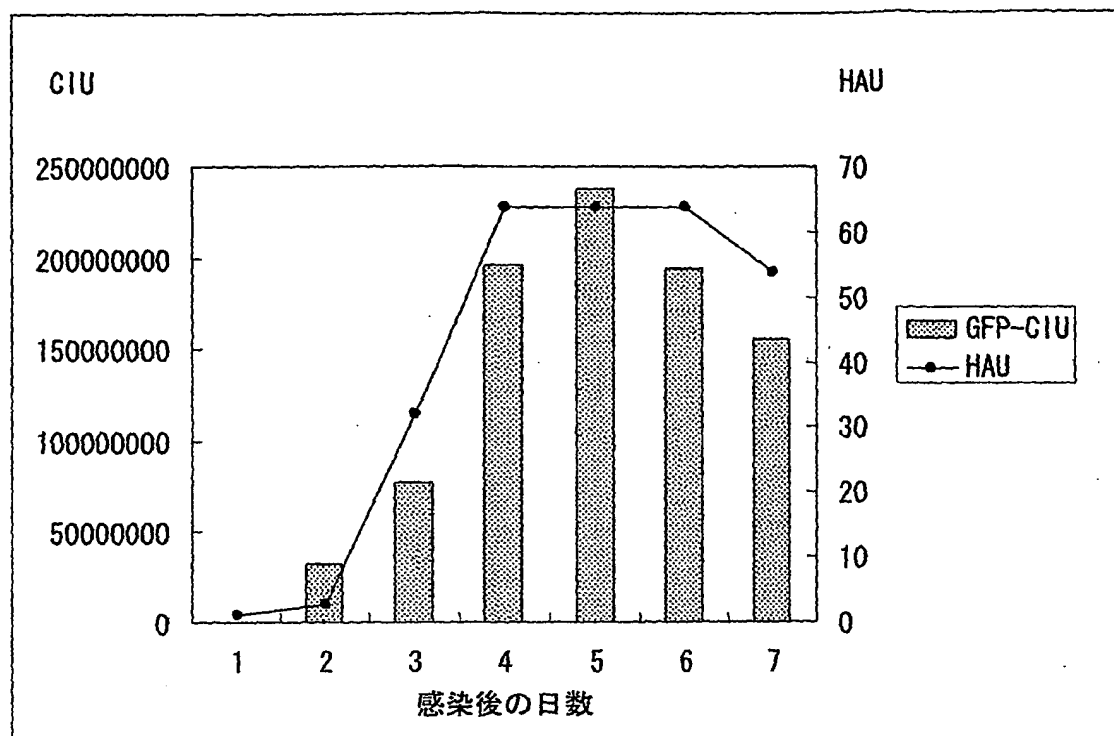
48 / 56

48



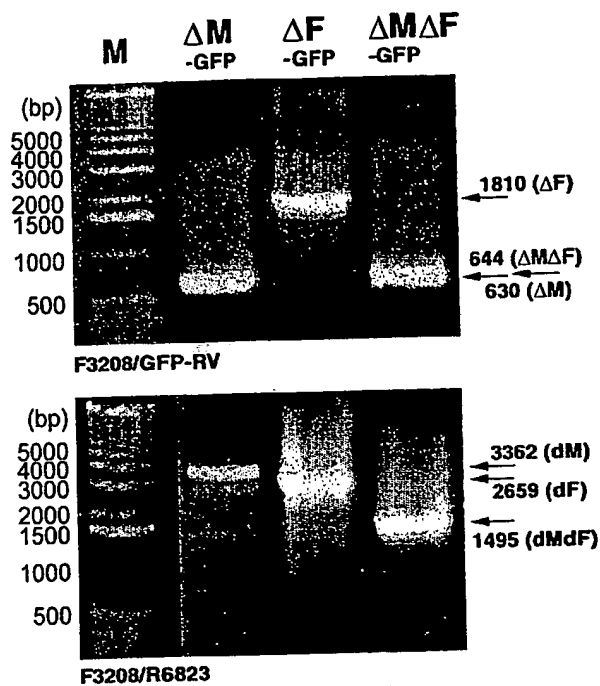
49 / 56

図 4 9



50/56

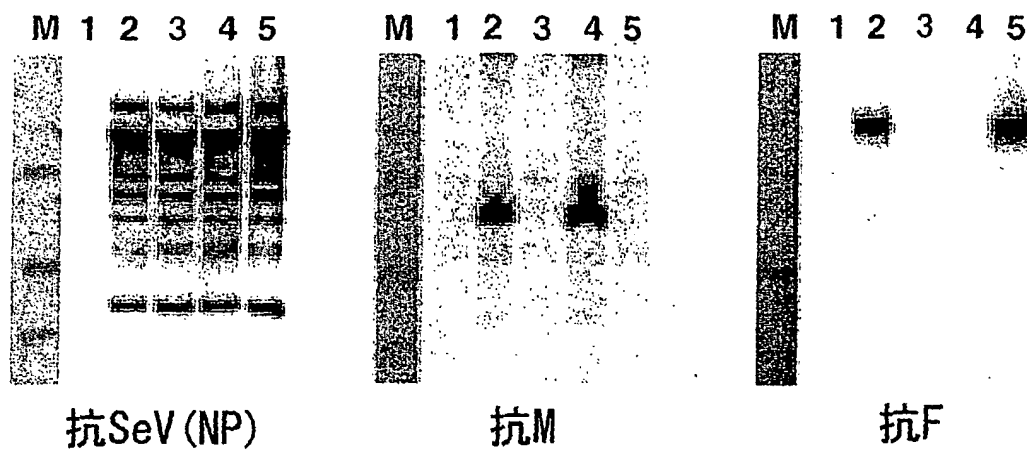
☒ 50

RT-PCR

51 / 56

図 5 1

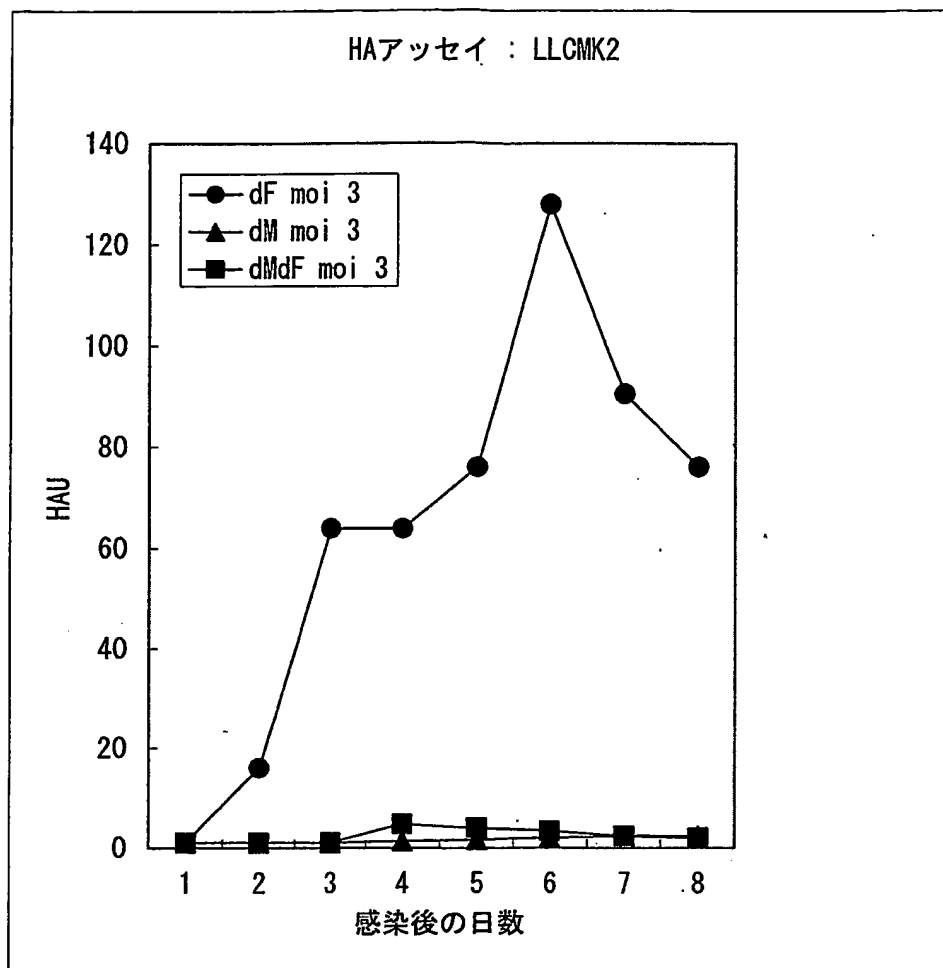
ウェスタンブロッティング：感染後3日、LLC-MK2細胞ライセート



- 1 感染なし
- 2 SeV/GFP
- 3 SeV/ $\Delta M \Delta F$ -GFP
- 4 SeV/ ΔF -GFP
- 5 SeV/ ΔM -GFP

52 / 56

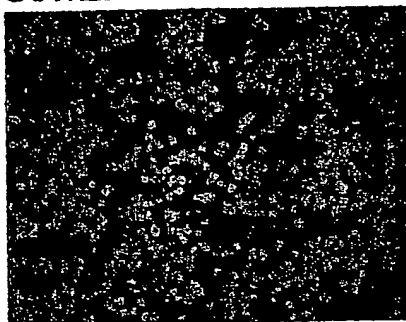
図 5 2



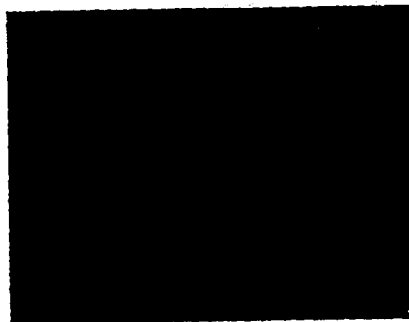
53 / 56

☒ 53

SeV/ Δ F-GFP



SeV/ Δ M Δ F-GFP



54 / 56

図 5 4

SeV18+/ Δ M Δ F-GFP

GFP



抗 MAP2



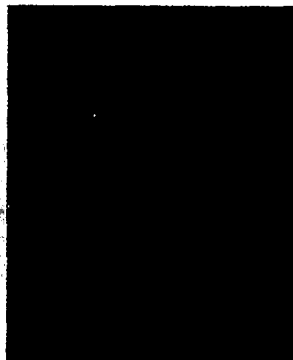
重ね合わせ

SeV18+/ Δ M-GFP

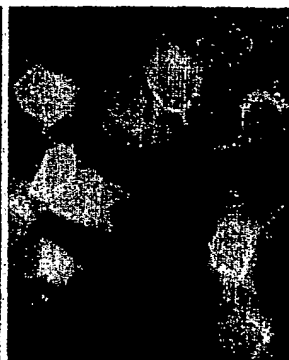
GFP



抗 MAP2



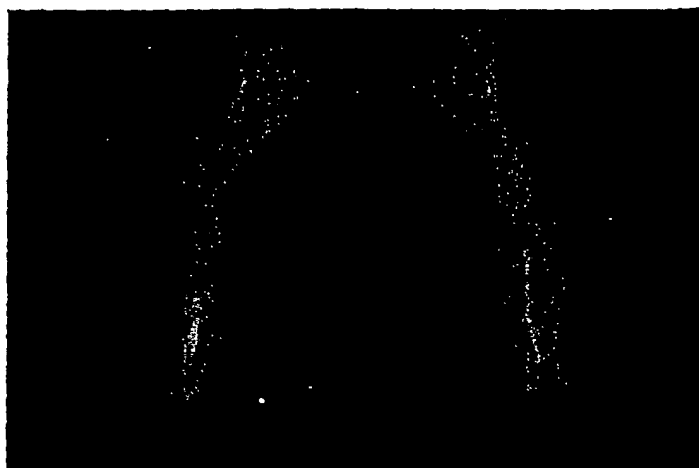
重ね合わせ



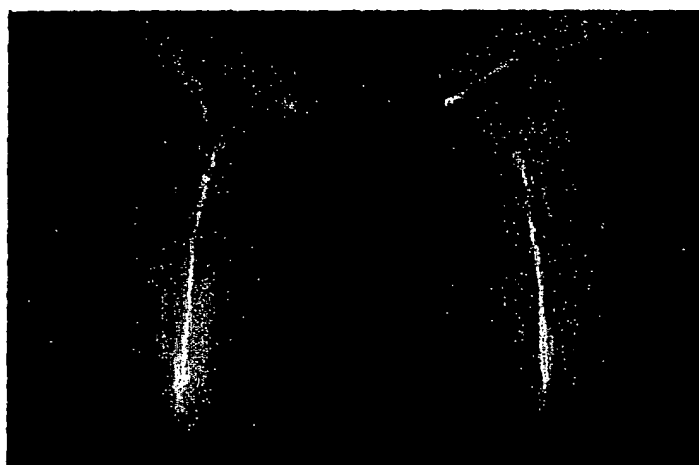
55 / 56

☒ 55

SeV/ Δ M Δ F-GFP

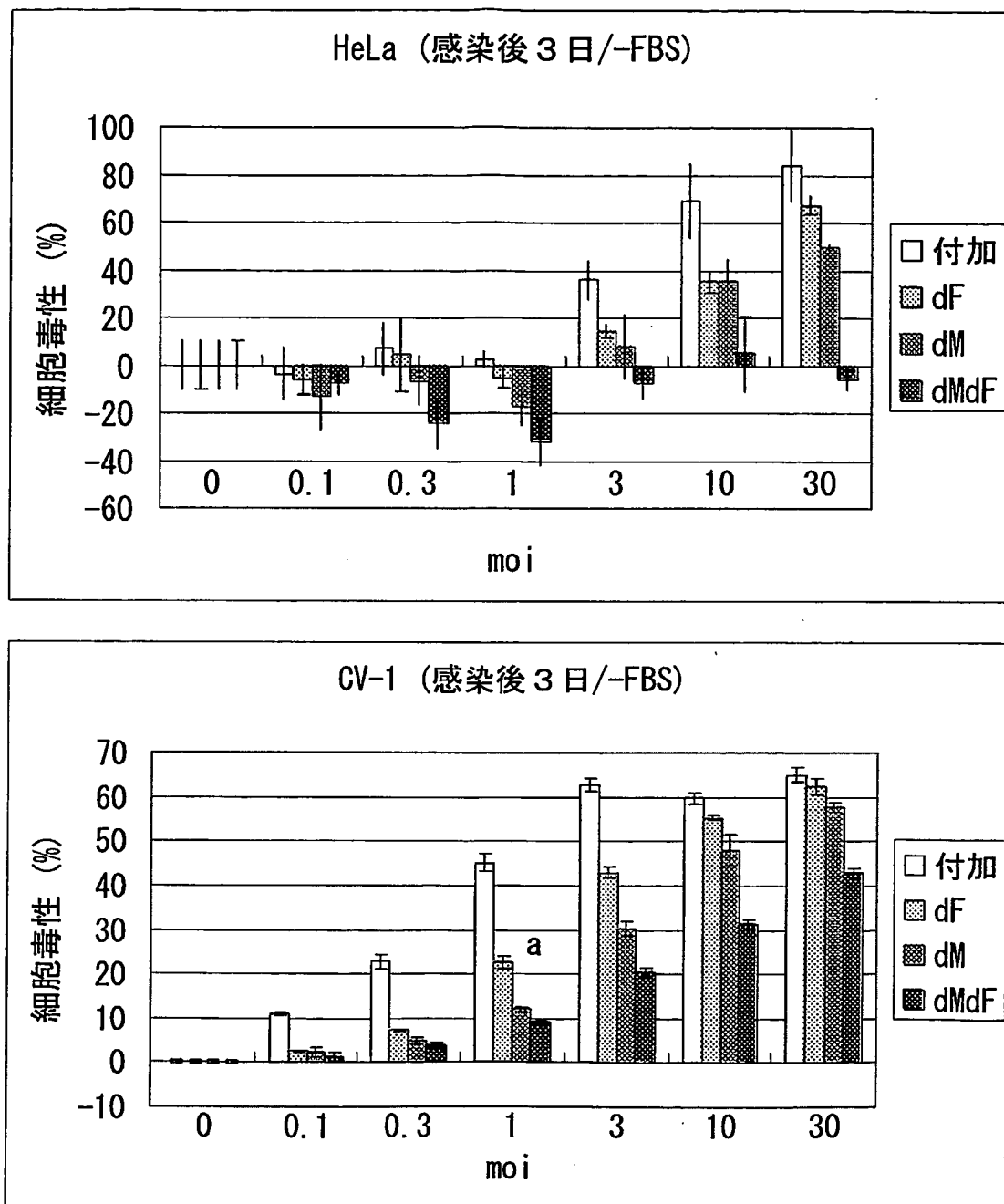


SeV/ Δ M-GFP



56 / 56

図 5 6



SEQUENCE LISTING

<110> DNAVEC RESEARCH INC.

<120> Methods for testing and producing negative-sense RNA virus
vectors with attenuated capability for particle-formation

<130> D3-A0105Y1P

<140>

<141>

<150> JP 2001-283451

<151> 2001-09-18

<150> JP 2001-356336

<151> 2001-11-21

<160> 38

<170> PatentIn Ver. 2.0

<210> 1

<211> 10

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Description of Artificial Sequence: artificially
synthesized sequence

<400> 1

ctttcaccct

10

<210> 2

<211> 15

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Description of Artificial Sequence: artificially
synthesized sequence

<400> 2

tttttcttac tacgg

15

<210> 3

<211> 18

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Description of Artificial Sequence: artificially
synthesized sequence

<400> 3

cggccgcaga tcttcacg

18

<210> 4

<211> 39

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Description of Artificial Sequence: artificially
synthesized sequence

<400> 4

gaaacaaaca accaatctag agagcgtatc tgacttgac

39

<210> 5

<211> 39

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Description of Artificial Sequence: artificially
synthesized sequence

<400> 5

gicagtcag atacgcctc tagattggtt gtttcttc

39

<210> 6

<211> 31

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Description of Artificial Sequence: artificially
synthesized sequence

<400> 6

attacgtga ggaggctgt tcgagcagga g

31

<210> 7

<211> 31

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Description of Artificial Sequence: artificially
synthesized sequence

<400> 7

ctcctgctcg aacagccctc ctcaccgtaa t

31

<210> 8

<211> 33

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Description of Artificial Sequence: artificially
synthesized sequence

<400> 8

ggggcaatca ccataatcaa gatcccaaag acc

33

<210> 9

<211> 33

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Description of Artificial Sequence: artificially
synthesized sequence

<400> 9

ggcttttggg atcttggata tggatgattgc ccc

33

<210> 10

<211> 37

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Description of Artificial Sequence: artificially
synthesized sequence

<400> 10

catgctctgt ggtgacaacc cggactaggg gttatca

37

<210> 11

<211> 37

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Description of Artificial Sequence: artificially
synthesized sequence

<400> 11

tgataacccc tagtccgggt tgcaccaca gagcatg

37

<210> 12

<211> 41

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Description of Artificial Sequence: artificially
synthesized sequence

<400> 12

cttgctaga ccaggaaatg aagagtgcaa ttggiacaat a

41

<210> 13

<211> 41

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Description of Artificial Sequence: artificially
synthesized sequence

<400> 13

tattgiacca attgcactct tcatttcctg gtctagacaa g

41

<210> 14

<211> 13

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

8/19

<220>

<223> Description of Artificial Sequence: artificially
synthesized sequence

<400> 14

Met Ala Asp Ile Tyr Arg Phe Pro Lys Phe Ser Tyr Glu

1

5

10

<210> 15

<211> 12

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Description of Artificial Sequence: artificially
synthesized sequence

<400> 15

Leu Arg Thr Gly Pro Asp Lys Lys Ala Ile Pro His

1

5

10

<210> 16

<211> 13

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Description of Artificial Sequence: artificially
synthesized sequence

<400> 16

Asn Val Val Ala Lys Asn Ile Gly Arg Ile Arg Lys Leu

1 5 10

<210> 17

<211> 34

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Description of Artificial Sequence: artificially
synthesized sequence

<400> 17

tcgacaccag gtatttaaai taattaatcg cgag

34

<210> 18

<211> 34

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Description of Artificial Sequence: artificially
synthesized sequence

<400> 18

ctagctcgcg attaattaat ttaaatacct ggtg

34

<210> 19

<211> 39

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Description of Artificial Sequence: artificially
synthesized sequence

<400> 19

gttctatctt cctgactcta tagacctgga cagccttac

39

<210> 20

<211> 39

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Description of Artificial Sequence: artificially
synthesized sequence

<400> 20

gtaagcgtgt ccaggcttat agagtcagga agatagaac

39

<210> 21

<211> 43

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Description of Artificial Sequence: artificially
synthesized sequence

<400> 21

ctacctattg agccccttag ttgacgaaga taaagatagg cta

43

<210> 22

<211> 43

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Description of Artificial Sequence: artificially
synthesized sequence

<400> 22

tagcctatct tta tcttcgt caactaagg gctcaatagg tag

43

<210> 23

<211> 41

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Description of Artificial Sequence: artificially
synthesized sequence

<400> 23

caagataatc gatcaggtaa agagagtaga gtccttgga g

41

<210> 24

<211> 41

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Description of Artificial Sequence: artificially
synthesized sequence

<400> 24

ctcccagaga cctactctc ttaccigat cgattatctt g

41

<210> 25

<211> 38

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Description of Artificial Sequence: artificially
synthesized sequence

<400> 25

ctcaaacgca tcacgtctct ttccctccaa agagaagc

38

<210> 26

<211> 38

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Description of Artificial Sequence: artificially
synthesized sequence

<400> 26

gcttctcttt ggagggaaag agacgtgatg cgtttgag

38

<210> 27

<211> 48

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Description of Artificial Sequence: artificially
synthesized sequence

<400> 27

agagtcactg accaactaga tcgtgcacga ggcatcctac catccica

48

<210> 28

<211> 48

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Description of Artificial Sequence: artificially
synthesized sequence

<400> 28

tgaggatggg aggatgcctc gtgcacgatc tagttggica gtgactct

48

<210> 29

<211> 55

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Description of Artificial Sequence: artificially
synthesized sequence

<400> 29

tctcgagtcg ctcggtacga tgaaaaagcc tgaactcacc gcgacgtctg tcgag 55

<210> 30

<211> 83

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Description of Artificial Sequence: artificially
synthesized sequence

<400> 30

aatgcatgat cagtaaatta caatgaacat cgaaccccag agtccgcct attcctttgc 60
ccctggacga gtgctggggc gtc 83

<210> 31

<211> 22

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Description of Artificial Sequence: artificially
synthesized sequence

<400> 31

ccaatctacc atcagcatca gc

22

<210> 32

<211> 21

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Description of Artificial Sequence: artificially
synthesized sequence

<400> 32

ttcccttcat cgactatgac c

21

<210> 33

<211> 22

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Description of Artificial Sequence: artificially
synthesized sequence

<400> 33

agagaacaag actaaggcta cc

22

<210> 34

<211> 54

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Description of Artificial Sequence: artificially
synthesized sequence

<400> 34

tctcgagtcg ctcggtacga tggccaagtt gaccagtgcc gttccggtgc tcac

54

<210> 35

<211> 85

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Description of Artificial Sequence: artificially
synthesized sequence

<400> 35

aatgcatgat cagtaaatta caatgaacat cgaaccccag agtcccgctc agtcctgctc 60
ctcgccacg aagtcacgc agttg 85

<210> 36

<211> 24

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Description of Artificial Sequence: artificially
synthesized sequence

<400> 36

cagaigaact tcagggtcag ctig 24

<210> 37

<211> 21

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Description of Artificial Sequence: artificially
synthesized sequence

<400> 37

tgggtgaatg agagaatcag c

21

<210> 38

<211> 16

<212> PRT

<213> Sendai virus

<400> 38

Lys Ala Cys Thr Asp Leu Arg Ile Thr Val Arg Arg Thr Val Arg Ala

1

5

10

15

INTERNATIONAL SEARCH REPORT

International application No.

PCT/JP02/09558

A. CLASSIFICATION OF SUBJECT MATTER

Int.Cl⁷ G01N33/53, C12N15/86, C12N15/45, C12N7/01

According to International Patent Classification (IPC) or to both national classification and IPC

B. FIELDS SEARCHED

Minimum documentation searched (classification system followed by classification symbols)

Int.Cl⁷ G01N33/53, C12N15/86, C12N15/45, C12N7/01

Documentation searched other than minimum documentation to the extent that such documents are included in the fields searched

Electronic data base consulted during the international search (name of data base and, where practicable, search terms used)

MEDLINE (STN), WPI (DIALOG), BIOSIS (DIALOG)

C. DOCUMENTS CONSIDERED TO BE RELEVANT

Category*	Citation of document, with indication, where appropriate, of the relevant passages	Relevant to claim No.
X	MOTTET, G. et al., Characterization of Sendai virus M protein mutants that can partially interfere with virus particle production. J. Gen. Virol. 1999, Vol.80, Pt.11, pages 2977 to 2986	1-20
X	MOTTET, G. et al., A Sendai virus vector leading to the efficient expression of mutant M proteins interfering with virus particle budding. Virology 1996, Vol.221, No.1, pages 159 to 171	1-20
X	STRICKER, R. et al., The Sendai virus matrix protein appears to be recruited in the cytoplasm by the viral nucleocapsid to function in viral assembly and budding. J. Gen. Virol. 1994, Vol.75, Pt.5, pages 1031 to 1042	1-20

☒ Further documents are listed in the continuation of Box C. ☐ See patent family annex.

* Special categories of cited documents:	"T" later document published after the international filing date or priority date and not in conflict with the application but cited to understand the principle or theory underlying the invention
"A" document defining the general state of the art which is not considered to be of particular relevance	"X" document of particular relevance; the claimed invention cannot be considered novel or cannot be considered to involve an inventive step when the document is taken alone
"E" earlier document but published on or after the international filing date	"Y" document of particular relevance; the claimed invention cannot be considered to involve an inventive step when the document is combined with one or more other such documents, such combination being obvious to a person skilled in the art
"L" document which may throw doubts on priority claim(s) or which is cited to establish the publication date of another citation or other special reason (as specified)	"&" document member of the same patent family
"O" document referring to an oral disclosure, use, exhibition or other means	
"P" document published prior to the international filing date but later than the priority date claimed	

Date of the actual completion of the international search
12 December, 2002 (12.12.02)

Date of mailing of the international search report
14 January, 2003 (14.01.03)

Name and mailing address of the ISA/
Japanese Patent Office

Authorized officer

Facsimile No.

Telephone No.

INTERNATIONAL SEARCH REPORT

International application No.

PCT/JP02/09558

C (Continuation). DOCUMENTS CONSIDERED TO BE RELEVANT

Category*	Citation of document, with indication, where appropriate, of the relevant passages	Relevant to claim No.
X	GOMEZ-PUERTAS, P. et al., Influenza virus matrix protein is the major driving force in virus budding. J. Virol. 2000, Vol.74, No.24, pages 11538 to 11547	1-20
$\frac{X}{Y}$	MEBATSION, T. et al., Matrix protein of rabies virus is responsible for the assembly and budding of bullet-shaped particles and interacts with the transmembrane spike glycoprotein G. J. Virol. 1999, Vol.73, No.1, pages 242 to 250	$\frac{20}{1-19}$
$\frac{X}{Y}$	CATHOMEN, T. et al., A matrix-less measles virus is infectious and elicits extensive cell fusion: consequences for propagation in the brain. EMBO J. 1998, Vol.17, No.14, pages 3899 to 3908	$\frac{20}{1-19}$
$\frac{X}{Y}$	KONDO, T. et al., Temperature-sensitive phenotype of a mutant Sendai virus strain is caused by its insufficient accumulation of the M protein. J. Biol. Chem. 1993, Vol.268, No.29, pages 21924 to 21930	$\frac{20}{1-19}$
Y	LI, H. O. et al., A cytoplasmic RNA vector derived from nontransmissible Sendai virus with efficient gene transfer and expression. J. Virol. 2000, Vol.74, No.14, pages 6564 to 6569	1-20
Y	WO 00/70070 A1 (DNAVEC Research Inc.), 23 November, 2000 (23.11.00), & AU 200046146 A & EP 1186667 A1 & KR 2002014786 A & CN 1355851 A	1-20
A	GAROFF, H. et al., Virus maturation by budding. Microbiol. Mol. Biol. Rev. 1998, Vol.62, No.4, pages 1171 to 1190	1-20
P, Y	TAKIMOTO, T. et al., Role of matrix and fusion proteins in budding of Sendai virus. J. Virol. 2001. Dec., Vol.75, No.23, pages 11384 to 11391	1-20

INTERNATIONAL SEARCH REPORT

International application No.

PCT/JP02/09558

Box I Observations where certain claims were found unsearchable (Continuation of item 2 of first sheet)

This international search report has not been established in respect of certain claims under Article 17(2)(a) for the following reasons:

1. ☐ Claims Nos.:
because they relate to subject matter not required to be searched by this Authority, namely:

2. ☐ Claims Nos.:
because they relate to parts of the international application that do not comply with the prescribed requirements to such an extent that no meaningful international search can be carried out, specifically:

3. ☐ Claims Nos.:
because they are dependent claims and are not drafted in accordance with the second and third sentences of Rule 6.4(a).

Box II Observations where unity of invention is lacking (Continuation of item 3 of first sheet)

This International Searching Authority found multiple inventions in this international application, as follows:

The invention as set forth in claim 1 relates to a method of examining the ability to form grains of a (-) strand RNA virus vector involving the step of detecting the aggregation of M protein on cell surface in cells having the (-) strand RNA virus vector transferred therein. In contrast, the invention as set forth in claim 21 relates to a recombinant (-) strand RNA virus which has a functional M protein but lacks a sequence encoding the M protein in the genome thereof, while the invention as set forth in claim 22 relates to a recombinant (-) strand RNA virus wherein a specific amino acid in a specific protein encoded by the (-) strand RNA virus genome has been substituted by another amino acid. (Continued to extra sheet.)

1. ☐ As all required additional search fees were timely paid by the applicant, this international search report covers all searchable claims.

2. ☐ As all searchable claims could be searched without effort justifying an additional fee, this Authority did not invite payment of any additional fee.

3. ☐ As only some of the required additional search fees were timely paid by the applicant, this international search report covers only those claims for which fees were paid, specifically claims Nos.:

4. ☒ No required additional search fees were timely paid by the applicant. Consequently, this international search report is restricted to the invention first mentioned in the claims; it is covered by claims Nos.: 1 to 20

Remark on Protest ☐ The additional search fees were accompanied by the applicant's protest.
☐ No protest accompanied the payment of additional search fees.

INTERNATIONAL SEARCH REPORT

International application No.

PCT/JP02/09558

Continuation of Box No.II of continuation of first sheet(1)

Thus, these inventions cannot be considered as forming a single general inventive concept.

Such being the case, the inventions as set forth in claims 1 to 33 are classified into 3 groups of inventions, i.e., the inventions as set forth in claims 1 to 20, the inventions as set forth in claim 21 and parts of claims 26 to 33, and the inventions as set forth in claims 22 to 25 and parts of claims 26 to 33. These groups of inventions are not considered as relating to a group of inventions so linked as to form a single general inventive concept.

A. 発明の属する分野の分類 (国際特許分類 (IPC))

Int. Cl' G01N 33/53, C12N 15/86, C12N 15/45, C12N 7/01

B. 調査を行った分野

調査を行った最小限資料 (国際特許分類 (IPC))

Int. Cl' G01N 33/53, C12N 15/86, C12N 15/45, C12N 7/01

最小限資料以外の資料で調査を行った分野に含まれるもの

国際調査で使用了電子データベース (データベースの名称、調査に使用した用語)

MEDLINE (STN), WPI (DIALOG), BIOSIS (DIALOG)

C. 関連すると認められる文献

引用文献の カテゴリー*	引用文献名 及び一部の箇所が関連するときは、その関連する箇所の表示	関連する 請求の範囲の番号
X	MOTTET, G. et al. Characterization of Sendai virus M protein mutants that can partially interfere with virus particle production. J. Gen. Virol. 1999, Vol. 80, Pt. 11, p. 2977-2986	1-20
X	MOTTET, G. et al. A Sendai virus vector leading to the efficient expression of mutant M proteins interfering with virus particle budding. Virology 1996, Vol. 221, No. 1, p. 159-171	1-20

☒ C欄の続きにも文献が列挙されている。☐ パテントファミリーに関する別紙を参照。

* 引用文献のカテゴリー

「A」 特に関連のある文献ではなく、一般的技術水準を示すもの

「E」 国際出願日前の出願または特許であるが、国際出願日以後に公表されたもの

「L」 優先権主張に疑義を提起する文献又は他の文献の発行日若しくは他の特別な理由を確立するために引用する文献 (理由を付す)

「O」 口頭による開示、使用、展示等に言及する文献

「P」 国際出願日前で、かつ優先権の主張の基礎となる出願

の日の後に公表された文献

「T」 国際出願日又は優先日後に公表された文献であって出願と矛盾するものではなく、発明の原理又は理論の理解のために引用するもの

「X」 特に関連のある文献であって、当該文献のみで発明の新規性又は進歩性がないと考えられるもの

「Y」 特に関連のある文献であって、当該文献と他の1以上の文献との、当業者にとって自明である組合せによって進歩性がないと考えられるもの

「&」 同一パテントファミリー文献

国際調査を完了した日

12. 12. 02

国際調査報告の発送日

14.01.03

国際調査機関の名称及びあて先

日本国特許庁 (ISA/JP)

郵便番号 100-8915

東京都千代田区霞が関三丁目4番3号

特許庁審査官 (権限のある職員)

高堀 栄二



4B 9281

電話番号 03-3581-1101 内線 3448

C (続き) . 関連すると認められる文献		
引用文献の カテゴリー*	引用文献名 及び一部の箇所が関連するときは、その関連する箇所の表示	関連する 請求の範囲の番号
X	STRICKER, R. et al. The Sendai virus matrix protein appears to be recruited in the cytoplasm by the viral nucleocapsid to function in viral assembly and budding. J. Gen. Virol. 1994, Vol. 75, Pt. 5, p. 1031-1042	1-20
X	GOMEZ-PUERTAS, P. et al. Influenza virus matrix protein is the major driving force in virus budding. J. Virol. 2000, Vol. 74, No. 24, p. 11538-11547	1-20
<u>X</u> Y	MEBATSION, T. et al. Matrix protein of rabies virus is responsible for the assembly and budding of bullet-shaped particles and interacts with the transmembrane spike glycoprotein G. J. Virol. 1999, Vol. 73, No. 1, p. 242-250	<u>20</u> 1-19
<u>X</u> Y	CATHOMEN, T. et al. A matrix-less measles virus is infectious and elicits extensive cell fusion: consequences for propagation in the brain. EMBO J. 1998, Vol. 17, No. 14, p. 3899-3908	<u>20</u> 1-19
<u>X</u> Y	KONDO, T. et al. Temperature-sensitive phenotype of a mutant Sendai virus strain is caused by its insufficient accumulation of the M protein. J. Biol. Chem. 1993, Vol. 268, No. 29, p. 21924-21930	<u>20</u> 1-19
Y	LI, H. O. et al. A cytoplasmic RNA vector derived from nontransmissible Sendai virus with efficient gene transfer and expression. J. Virol. 2000, Vol. 74, No. 14, p. 6564-6569	1-20
Y	WO 00/70070 A1 (株式会社ディナベック研究所) 2000. 11. 23 & AU 200046146 A & EP 1186667 A1 & KR 2002014786 A & CN 1355851 A	1-20
A	GAROFF, H. et al. Virus maturation by budding. Microbiol. Mol. Biol. Rev. 1998, Vol. 62, No. 4, p. 1171-1190	1-20
P, Y	TAKIMOTO, T. et al. Role of matrix and fusion proteins in budding of Sendai virus. J. Virol. 2001. Dec., Vol. 75, No. 23, p. 11384-11391	1-20

第I欄 請求の範囲の一部の調査ができないときの意見 (第1ページの2の続き)

法第8条第3項 (PCT17条(2)(a)) の規定により、この国際調査報告は次の理由により請求の範囲の一部について作成しなかった。

1. ☐ 請求の範囲 _____ は、この国際調査機関が調査することを要しない対象に係るものである。つまり、
2. ☐ 請求の範囲 _____ は、有意義な国際調査をすることができる程度まで所定の要件を満たしていない国際出願の部分に係るものである。つまり、
3. ☐ 請求の範囲 _____ は、従属請求の範囲であってPCT規則6.4(a)の第2文及び第3文の規定に従って記載されていない。

第II欄 発明の単一性が欠如しているときの意見 (第1ページの3の続き)

次に述べるようにこの国際出願に二以上の発明があるところこの国際調査機関は認めた。

請求の範囲1に記載された発明は、(一)鎖RNAウィルスベクターを導入した細胞におけるM蛋白質の細胞表面の凝集を検出する工程を含む(一)鎖RNAウィルスベクターの粒子形成能を検査する方法に係る発明であるのに対し、請求の範囲21に記載された発明は、機能的M蛋白質を有するが、該ウィルスのゲノムにおいてM蛋白質をコードする配列が欠損している組み換え(一)鎖RNAウィルスに係る発明であり、請求の範囲22に記載された発明は、(一)鎖RNAウィルスのゲノムによりコードされる特定の蛋白質において、特定のアミノ酸が他のアミノ酸に置換されている組み換え(一)鎖RNAウィルスに係る発明であるから、これらの発明は単一の一般的発明概念を形成するものとは認められない。

したがって、請求の範囲1-33に記載された発明は、請求の範囲1-20に記載された発明、請求の範囲21及び26-33の一部に記載された発明、請求の範囲22-25及び26-33の一部に記載された発明の3つの発明群に区分され、当該発明群が単一の一般的発明概念を形成するように連関している一群の発明であるとは認められない。

1. ☐ 出願人が必要な追加調査手数料をすべて期間内に納付したので、この国際調査報告は、すべての調査可能な請求の範囲について作成した。
2. ☐ 追加調査手数料を要求するまでもなく、すべての調査可能な請求の範囲について調査することができたので、追加調査手数料の納付を求めなかった。
3. ☐ 出願人が必要な追加調査手数料を一部のみしか期間内に納付しなかったため、この国際調査報告は、手数料の納付のあった次の請求の範囲のみについて作成した。
4. ☒ 出願人が必要な追加調査手数料を期間内に納付しなかったため、この国際調査報告は、請求の範囲の最初に記載されている発明に係る次の請求の範囲について作成した。
請求の範囲1-20

追加調査手数料の異議の申立てに関する注意

- ☐ 追加調査手数料の納付と共に出願人から異議申立てがあった。
- ☐ 追加調査手数料の納付と共に出願人から異議申立てがなかった。

DESCRIPTION

METHODS FOR TESTING AND PRODUCING (-)-STRAND RNA VIRUS VECTORS WITH
REDUCED PARTICLE FORMATION ABILITY

5

Technical Field

The present invention relates to methods for testing and producing (-)strand RNA viral vectors in which particle formation ability has been reduced or eliminated.

10

Background Art

In recent years, the development of genetic recombination technology for (-)strand RNA viruses, such as the Sendai virus (SeV), has seen their enhanced use as gene transfer vectors (WO00/70055 and
15 WO00/70070). However, a problem with these vectors is the secondary release of viruses from target cells, following vector introduction. Virions form in the cells infected with replicative viruses, and daughter viruses are then released. Virus-like particles (VLPs) have also been found to be released from cells in which F-deficient
20 non-replicative SeV has been introduced, and such. Thus, development of viral vectors that do not produce VLPs is desired.

Disclosure of the Invention

The present invention provides methods for testing and producing
25 (-)strand RNA viral vectors in which particle formation ability has been reduced or eliminated.

Matrix (M) protein has been reported to play a central role in virion formation in the Sendai virus (SeV) and other (-)strand RNA viruses. For example, it has been found that over expression of the
30 M protein of vesicular stomatitis virus (VSV) causes the budding of VLPs (Justice, P.A. *et al.*, J. Virol. 69; 3156-3160 (1995)). Parainfluenza virus VLP formation is also reported to occur on mere overexpression of M protein (Coronel, E.C. *et al.*, J. Virol. 73; 7035-7038 (1999)). While this kind of VLP formation, caused by M
35 protein alone, is not observed in all (-)strand RNA viruses, M protein can be recognized as a virion formation core, shared by all (-)strand

RNA viruses (Garoff, H. *et al.*, Microbiol. Mol. Biol. Rev. 62; 1171-1190 (1998)).

The specific role of M protein in virion formation is summarized as follows: Virions are formed in so-called lipid rafts on the cell membrane (Simons, K. and Ikonen, E. *Nature* 387; 569-572 (1997)). These were originally identified as lipid fractions that were insoluble with non-ionic detergents such as Triton X-100 (Brown, D.A. and Rose, J.K. *Cell* 68; 533-544 (1992)). Virion formation in lipid rafts has been demonstrated for the influenza virus (Ali, A. *et al.*, *J. Virol.* 74; 8709-8719 (2000)), measles virus (MeV; Manie, S.N. *et al.*, *J. Virol.* 74; 305-311 (2000)), SeV (Ali, A. and Nayak, D.P. *Virology* 276; 289-303 (2000)), and others. At these lipid raft sites, M protein enhances virion formation, concentrating envelope proteins (also referred to as spike proteins) and ribonucleoprotein (RNP). In other words, M protein may function as a driving force for virus assembly and budding (Cathomen, T. *et al.*, *EMBO J.* 17; 3899-3908 (1998), Mebatsion, T. *et al.*, *J. Virol.* 73; 242-250 (1999)). In fact, M protein has been revealed to bind to the cytoplasmic tail of influenza virus spike proteins and so on (Zhang, J. *et al.*, *J. Virol.* 74; 4634-4644 (2000)), SeV (Sanderson, C.M. *et al.*, *J. Virol.* 67; 651-663 (1993)). It also binds with the RNP of the influenza virus (Ruigrok, R.W. *et al.*, *Virology* 173; 311-316 (1989)), parainfluenza virus, SeV (Coronel, E.C. *et al.*, *J. Virol.* 75; 1117-1123 (2001)), etc. Further, M proteins have been reported to form oligomers with themselves in the case of SeV (Heggeness, M.H. *et al.*, *Proc. Natl. Acad. Sci. USA* 79; 6232-6236 (1982) and vesicular stomatitis virus, etc (VSV; Gaudin, Y. *et al.*, *Virology* 206; 28-37 (1995), Gaudin, Y. *et al.*, *J. Mol. Biol.* 274; 816-825 (1997)). Thus, due to the capacity of many of these virus components to bind to lipids, M protein can function as the driving force for virus assembly and budding.

Based on these findings, the present inventors thought they should focus on M protein for modifications aiming to suppress secondary particle (VLP) release. In addition, some reports suggest that envelope protein (spike protein) modification may also suppress VLP release. The following experimental examples are specific reports in which virion formation was actually suppressed: G protein

deficiency in rabies virus (RV) resulted in a 1/30 reduction of VLP formation (Mebatsion, T. *et al.*, Cell 84; 941-951 (1996)). When M protein was deficient, this level dropped to 1/500,000 or less (Mebatsion, T. *et al.*, J. Virol. 73; 242-250 (1999)). Further, in the case of the measles virus (MeV), cell-to-cell fusion was enhanced when M protein was deficient (Cathomen, T. *et al.*, EMBO J. 17; 3899-3908 (1998)). This can be assumed to result from the suppression of virion formation. In addition, similar fusion enhancement arose with mutations in the cytoplasmic tail of F or H protein (the tail on the cytoplasmic side) (Cathomen, T. *et al.*, J. Virol. 72; 1224-1234 (1998)). Specifically, the following has also been clarified with regards to SeV: When SeV proteins F and HN are on secretory pathways (specifically, when they are located in Golgi bodies, etc.), the cytoplasmic tails (of F and HN proteins) bind with M protein (Sanderson, C.M. *et al.*, J. Virol. 67; 651-663 (1993), Sanderson, C.M. *et al.*, J. Virol. 68; 69-76 (1994)). The present inventors assumed that this binding was important for the efficient transfer of M protein to cell membrane lipid rafts, where virions are formed. M protein was thought to bind to F and HN proteins in the cytoplasm, and as a result to be transferred to the cell membrane via F and HN protein secretory pathways.

The present inventors thought that deletion of this 'core' M protein would be the most effective way to carry out modifications aiming to suppress secondary particle release, namely, VLP release. However if the modified virus is to be used industrially, for example in gene therapy, then the process of virus production must be considered. As described above, obtaining a high titer virus is difficult using previously reported RV and MeV systems, namely, systems where expression is induced by vaccinia virus (VV)-driven T7 polymerase (Mebatsion, T. *et al.*, J. Virol. 73; 242-250 (1999); Cathomen, T. *et al.*, EMBO J. 17; 3899-3908 (1998)). VV used to induce expression will inevitably contaminate prepared solutions of M-deficient virus. Thus, production of a practically applicable virus is difficult.

Effective methods other than the M protein deletion method include deletion of F and HN proteins, which are considered to play roles in the transfer of M protein to cell membrane lipid rafts; or

a method in which mutations are introduced to delete only the cytoplasmic tails of these proteins. However, some reports describe the presence of many VLPs, particularly in the cases of F-deficient (W000/70070) and HN-deficient SeV (Stricker, R. and Roux, L., J. Gen. Virol. 72; 1703-1707 (1991)). Thus this method is not thought to be effective. So far, with the exception of the cytoplasmic tail, spike protein regions expected to affect VLP formation have not been identified. Similarly, M protein regions definitely expected to affect VLP formation have not been identified. Further, virus production for industrial application should be considered, and the design of such is not simple.

To solve the problem of constructing vectors with suppressed VLP release, the present inventors considered the use of temperature-sensitive mutations in the viral gene. Mutant viral strains that can be grown at low but not high temperatures have been reported. The present inventors conceived that a mutant protein in which virion formation is suppressed at high temperature, particularly a mutant M or spike protein, could be used to suppress VLP formation in such a way that virus production could be carried out at a low temperature (for example, at 32°C), but practical application of the virus, such as for gene therapy, could be carried out at a higher temperature (for example, at 37°C). For this purpose, the present inventors constructed recombinant F gene-deficient Sendai viral vectors, which encode mutant M and mutant HN proteins, and which comprise a total of six temperature-sensitive mutations reported in M and HN proteins (three for M protein, and three for HN protein). VLP release for this virus was tested, and the level was determined to be about 1/10 or less of that of the wild-type virus. Further, immunostaining with an anti-M antibody was used to analyze M protein subcellular localization in cells in which the Sendai virus vector with suppressed VLP release had been introduced. The results showed that introduction of the virus with suppressed VLP release significantly reduced M protein aggregation on cell surfaces, compared to cells containing the introduced wild type virus. In particular, M protein condensation patterns were extremely reduced at a high temperature (38°C). The subcellular localization of M and

HN proteins in cells infected with SeV containing a temperature-sensitive mutant M gene was closely examined using a confocal laser microscope. M protein localization on cell surfaces was significantly reduced, even at a low temperature (32°C), and was observed to have morphology similar to that of a microtubule. At a high temperature (37°C), M protein was localized near the central body of microtubules, that is, near the Golgi body. The addition of a microtubule-depolymerizing agent resulted in the disruption of the M protein localization structure. This occurred both in SeV comprising the temperature-sensitive M gene, and in SeV comprising the wild-type M gene. This raised the possibility that M protein actually functions localized along microtubules. These findings assert that the reduced level of secondary particle release in the case of viruses comprising introduced temperature-sensitive mutations was due to insufficient intracellular localization of M protein, which is believed to play a central role in particle formation. Thus, VLP formation can be effectively suppressed by preventing the normal intracellular localization of M protein. Furthermore, interaction with microtubules may be important for M protein function. For example, secondary particle release can be reduced by causing a problem with M protein subcellular localization, achieved by using a gene mutation or pharmaceutical agent developed to inhibit M protein transport along microtubules from Golgi bodies into the cell. Namely, the present inventors found that recombinant (-)strand RNA viral vectors, in which particle formation ability had been reduced or eliminated, could be provided by preparing (-)strand RNA viral vectors comprising a mutation leading to defective M protein localization.

For example, the M gene, or genes encoding spike proteins, such as the F gene and HN gene, are first mutagenized. Viral vectors carrying these mutant genes are then screened for vectors exhibiting aberrant M protein localization, and particularly for vectors showing reduced or eliminated M protein aggregation on the cell surface. Thus, recombinant Sendai viral vectors in which particle formation ability has been reduced or eliminated can be effectively obtained. For example, such vectors can be used to test VLP production suppression, caused by modifying the cytoplasmic tail or other regions of the spike

protein. Further, various mutant viruses, including those with an M protein modification, can also be screened based on the presence or absence of M protein localization on the cell membrane. These methods can be applied to (-)strand RNA viruses as well as to SeV.

5 By introducing mutations to the P gene and L gene, the present inventors constructed F-deficient vectors that suppress the secondary release of viral particles, lower the degree of cytotoxicity, and maintain expression of the inserted genes over a longer period. The present inventors used the SeV P protein gene, comprising an E86K
10 or L511F substitution mutation, and the SeV L protein gene, comprising an N1197S and K1795E substitution mutation. When compared to vectors without gene mutations, vectors with both P and L gene mutations significantly suppressed the decrease in the number of cells expressing the introduced genes after vector introduction to these
15 cells. The degree of cytotoxicity and VLP secondary release were also clearly reduced. The present inventors also constructed viruses with mutations in the four proteins, M, HN, P and L. They did this by combining mutations in the P protein and L protein with the above-mentioned temperature-sensitive mutations in the M protein and
20 HN protein. Use of these recombinant mutant viruses resulted in remarkably reduced cytotoxicity. In particular, the secondary release of particles was significantly decreased in SeV comprising P protein gene with an amino acid substitution at L511.

The present inventors also aimed to construct a virus in which
25 M protein aggregation on the surface of cells introduced with the virus was completely deficient. To this end, and for the first time, the present inventors constructed cells with sustained M protein expression, able to be utilized in the production of the M-deficient virus. By using these cells it is possible for the first time to
30 produce genetic therapy vectors confirmed to be free from contamination with other viruses, even at high titers. The M-deficient SeV production system of the present invention could supply, for the first time, practically applicable M-deficient (-)strand RNA viruses. Infective viral particles lacking the M gene
35 were recovered in the culture supernatant of the virus-producing cells at titer of 10^7 CIU/ml or more. Secondary release of VLPs from cells

introduced with the above-mentioned virus was almost completely suppressed. Cytotoxicity was also reduced. Furthermore, the present inventors newly produced helper cells that express both M and F proteins. Using these helper cells, they succeeded for the first time in recovering infective viral particles lacking both M and F genes. The virus was recovered in the culture supernatant of virus-producing cells at titer of up to 10^8 CIU/ml or more. Secondary particle production was almost absent in the viruses thus obtained. Cytotoxicity due to the viral vector lacking both M and F genes was significantly lower than for those lacking just one or the other of the M or F genes. This viral vector was shown to be highly efficient at both *in vivo* and *in vitro* gene transfer to nerve cells. This virus can be expected to be used as a gene-transfer vector comprising the ability to infect many kinds of cells, including non-dividing cells.

The present invention relates to methods for testing and producing (-)strand RNA viral vectors in which particle formation ability has been reduced or eliminated. More specifically, the present invention relates to:

(1) a method for testing particle formation ability of a (-)strand RNA virus vector, wherein the method comprises detecting localization of M protein in cells in which the vector has been introduced;

(2) a method of screening for a (-)strand RNA virus vector whose particle formation ability has been reduced or eliminated, comprising the steps of:

(a) detecting localization of M protein in cells into which the vector has been introduced; and

(b) selecting the vector by which localization has been reduced or eliminated;

(3) the method according to (1) or (2), wherein the localization of M protein is an aggregation of M proteins on the cell surface;

(4) a method of screening for a gene which reduces or eliminates particle formation ability of a (-)strand RNA virus vector, comprising the steps of:

(a) detecting localization of M protein in cells into which the (-)strand RNA virus vector comprising a test gene has been introduced;

and

(b) selecting the gene which reduces or eliminates localization;

(5) the method according to (4), wherein the localization of M protein is an aggregation of M proteins on the cell surface;

5 (6) the method according to (4) or (5), wherein the test gene is a mutant of a gene selected from the group consisting of M, F, and HN genes of a (-)strand RNA virus;

(7) a method for producing a recombinant (-)strand RNA virus vector whose particle formation ability has been reduced or eliminated,
10 wherein the method comprises reconstituting the (-)strand RNA virus vector comprising a gene which can be identified or isolated by a method according to any one of (4) to (6), under a condition where the reduction or elimination of M protein localization by the gene is continuously complemented;

15 (8) a method for producing a recombinant (-)strand RNA virus vector whose particle formation ability has been reduced or eliminated, wherein the method comprises reconstituting the (-)strand RNA virus vector by which the localization of the M gene expression product is reduced or eliminated as a result of the deletion or mutation of
20 the M gene, under a condition where functional M protein is continuously expressed;

(9) the method according to (8), wherein the step comprises reconstituting, at a permissive temperature, the (-)strand RNA virus vector comprising a temperature-sensitive mutant M gene by which the
25 aggregation of gene products on the cell surface has been reduced or eliminated;

(10) the method according to (9), wherein the temperature-sensitive mutant M gene is a gene encoding a (-)strand RNA virus M protein, in which an amino acid corresponding to at least
30 one amino acid position selected from the group consisting of G69, T116 and A183 of a Sendai virus M protein has been substituted with another amino acid;

(11) the method according to (8), wherein the step comprises reconstituting the (-)strand RNA virus vector whose M gene is deleted,
35 under a condition where the M gene, which has been introduced in the chromosome of the cells used for reconstitution, is expressed;

(12) a method according to any one of (7) to (11), wherein the (-)strand RNA virus vector further comprises the deletion of HN and/or F genes, or comprises a temperature-sensitive mutant HN and/or F genes;

(13) the method according to (12), wherein the temperature-sensitive mutant HN gene is a gene encoding a (-)strand RNA virus HN protein, in which an amino acid corresponding to at least one amino acid position selected from the group consisting of A262, G264, and K461 of a Sendai virus HN protein, has been substituted with another amino acid;

(14) a method according to any one of (7) to (13), wherein the (-)strand RNA virus vector further comprises a mutation in the P and/or L gene;

(15) the method according to (14), wherein the mutation in the P gene is a substitution of an amino acid position of the (-)strand RNA virus P protein, corresponding to E86 and/or L511 of a Sendai virus P protein, with another amino acid;

(16) the method according to (14) or (15), wherein the mutation in the L gene is a substitution of an amino acid position of the (-)strand RNA virus L protein, corresponding to N1197 and/or K1795 of a Sendai virus L protein, with another amino acid;

(17) a method according to any one of (7) to (16), wherein the method comprises reconstituting a vector at 35°C or a lower temperature;

(18) a method according to any one of (1) to (17), wherein the (-)strand RNA virus is a paramyxovirus;

(19) the method according to (18), wherein the paramyxovirus is a Sendai virus;

(20) a recombinant (-)strand RNA virus vector produced by a method according to any one of (7) to (14), wherein the particle formation ability of the vector has been reduced or eliminated;

(21) a recombinant (-)strand RNA virus, comprising a functional M protein, but whose M protein-encoding sequence is deleted in the genome of the virus;

(22) a recombinant (-)strand RNA virus comprising at least one feature selected from the group consisting of the following (a) to (d):

(a) the M protein encoded in the genome of the virus comprises a substitution of an amino acid, corresponding to at least one amino acid position selected from the group consisting of G69, T116 and A183 of a Sendai virus M protein, with another amino acid;

5 (b) the HN protein encoded in the genome of the virus comprises a substitution of an amino acid, corresponding to at least one amino acid position selected from the group consisting of A262, G264, and K461 of a Sendai virus HN protein, with another amino acid;

10 (c) the P protein encoded in the genome of the virus comprises a substitution of an amino acid, corresponding to the amino acid position of E86 or L511 of a Sendai virus P protein, with another amino acid;

(d) the L protein encoded in the genome of the virus comprises a substitution of an amino acid, corresponding to the amino acid position of N1197 and/or K1795 of a Sendai virus L protein or an amino acid
15 of another (-)strand RNA virus M protein homologous thereto, with another amino acid;

(23) the virus according to (22) comprising the features of at least (a) and (b);

20 (24) the virus according to (22) comprising the features of at least (c) and (d);

(25) the virus according to (22) comprising the features of all of (a) to (d);

(26) a virus according to any one of (21) to (25), wherein at least one sequence encoding a spike protein in the genome of the virus
25 is further deleted;

(27) the virus according to (26), wherein the spike protein is an F protein;

(28) a virus according to any one of (21) to (27), wherein the (-)strand RNA virus is a paramyxovirus;

30 (29) the virus according to (28), wherein the paramyxovirus is a Sendai virus;

(30) a recombinant virus according to any one of (21) to (29), which is used for reducing cytotoxicity upon gene introduction;

35 (31) a recombinant virus according to any one of (21) to (30), which is used for inhibiting the reduction in the expression level of an introduced gene upon gene introduction;

(32) a recombinant virus according to any one of (21) to (31), which is used for inhibiting the release of a virus-like particle (VLP) from a cell into which a virus has been introduced upon gene transduction; and

5 (33) an aqueous solution comprising a recombinant virus according to any one of (21) to (32) at a level of 10^6 CIU/ml or higher.

The present invention provides a method for testing the particle formation ability of a (-)strand RNA virus vector, which comprises the step of detecting the localization of M protein in cells in which
10 the vector has been introduced. The present inventors showed the close relationship between the localization of M protein in vector-producing cells, and the particle formation ability of (-)strand RNA virus vectors. In cells in which these particles are formed, M protein is detected at high levels on the cell surface; more strictly, it is aggregated on the cell surface. However, in cells
15 infected with a vector with reduced particle formation ability, M protein localization on the cell surface is reduced, and the protein is detected at higher levels in the cytoplasm. When particle formation ability is eliminated, M protein is condensed around the nucleus.
20 In this case, M protein is condensed in regions predicted to be close to the Golgi body, suggesting abnormalities in M protein transport, in which microtubules participate. Thus, since the subcellular localization of M protein correlates to the particle formation ability of the vector, this ability can be tested by detecting M protein
25 localization. The test of the present invention is carried out by linking M protein localization with particle formation ability by detecting M protein localization in cells introduced with a vector. In other words, vectors in which M protein localization in cells has been reduced or eliminated have low particle formation ability; the
30 greater the interference with localization, the more particle formation ability is reduced. Specifically, and as described above, the lower the level of cell-surface M protein aggregation, the more particle formation ability in the vector is reduced. Particularly, when cell-surface M protein aggregation is eliminated in a vector,
35 that vector is assessed to have no particle formation ability. Macroscopically, as the level of M protein localized on the cell

surface is reduced, the ability of the vector to form particles is judged to be lower. A vector causing M protein to be localized not on the cell surface, but in the cytoplasm or nucleus periphery, will have a reduced ability to form particles. In particular, when M protein is condensed and localized in the vicinity of the nucleus, or aggregated in regions of the Golgi body, the vector's particle formation ability is thought to be virtually or completely eliminated. On developing a vector which causes suppression of subcellular M protein localization, particularly causing suppression of cell-surface M protein aggregation, it will be possible to suppress the release of VLPs from infected cells.

In the present invention, the reduction or elimination of M protein localization in cells refers to, for example, a deficiency in M protein cellular localization. Namely, it means a significant disturbance of "M protein localization" (which is also referred to as "the normal localization of M protein") in cells infected with a paramyxovirus retaining particle or VLP formation ability (for example, a wild-type paramyxovirus and paramyxovirus retaining VLP formation ability but comprising a deficient spike-protein gene, and so on). Specifically, a deficiency in subcellular M protein localization means an alteration or elimination of M protein localization in cells infected with a vector comprising particle or VLP formation ability. M protein is localized near the cell surface; more specifically, it is aggregated on the surfaces of cells infected with paramyxoviruses retaining normal particle or VLP formation ability. In the present invention, alteration and elimination of normal M protein localization refers to reduction and elimination of M protein localization, respectively. In the present invention, a deficiency in M protein localization can include, for example, aberrant M protein localization (different to normal M protein localization). In the present invention, deficiency of M protein localization includes, for example, reduction and elimination of cell-surface aggregation, reduction of cell surface expression, increases in M protein level in the cytoplasm, condensation of M protein in the cytoplasm (e.g. condensation in the nucleus periphery), a decrease or elimination in M protein level in the entire cell, etc.

The subcellular localization of M protein can be determined by cell fractionation, or by directly detecting M protein localization using immunostaining, or so on. In immunostaining, for example, M protein stained by a fluorescently labeled antibody can be observed under a confocal laser microscope. After the cells have been lysed, a cell fraction can be prepared using a known cell fractionation method, and localization can then be determined by identifying the M protein-containing fraction using a method such as immunoprecipitation or Western blotting using an antibody against M protein. In cells infected with a vector comprising particle formation ability, M protein is localized on cell membranes. When the level of M protein localized on cell membranes is reduced, the virus particle formation is judged to be reduced. In the method of the present invention, it is preferable to test M protein localization by detecting cell-surface M protein aggregation.

Direct methods for detecting subcellular M protein localization, such as cell fractionation, immunostaining, and others, can be used to detect cell-surface M protein aggregation. Virions are formed in so-called cell membrane lipid rafts, lipid fractions that are insoluble with non-ionic detergents such as Triton X-100. M protein is believed to participate in the aggregation of viral components in the lipid rafts due to its ability to bind to spike proteins, RNP, and to M protein itself, and further to lipids. Accordingly M protein detected by electrophoresis or so on with the lipid raft fraction is assumed to reflect aggregated M protein. Namely, when the amount of detectable M protein is reduced, cell-surface M protein aggregation is determined to be reduced. M protein aggregation on cell membranes, perhaps in lipid rafts, can be directly observed using the immunocytological staining methods used by the present inventors for detecting subcellular localization. This requires an anti-M antibody able to be used for immunocytological staining. On investigation using this method, an intensely condensed image is observed near the cell membrane when M protein is aggregated. When M protein is not aggregated, there is neither a detectable condensation pattern nor a clear outline of the cell membrane. In addition, only a slight stain is observed in the cytoplasm. Thus, when little or no condensation

pattern is detected, or more preferably when the cell membrane outline is indistinct and slight staining is observed throughout the cytoplasm, cell-surface M protein aggregation is judged to be reduced. Particle formation is suppressed for these viruses in which M protein aggregation on the cell surface has been reduced.

Screening for (-)strand RNA viral vectors in which particle formation ability has been reduced or eliminated can be achieved using the above detection method. This screening method comprises the steps of (a) detecting the M protein localization in cells in which the vector has been introduced, and (b) selecting a vector with which localization has been reduced or eliminated (i.e. with which normal M protein localization has been altered). As described above, reduction or elimination of localization means that normal M protein localization is significantly disturbed. Further, reduction or elimination of localization also includes complete elimination of localization and/or of M protein. This reduction and elimination in localization also includes not only cases where localization is reduced or eliminated in all cells, but also cases where localization is reduced or eliminated in a partial cell population, or where partial localization is reduced or eliminated within single cells. In addition, it includes cases where localization is reduced or eliminated under a particular condition. For example, it also includes cases where the level of localization is equivalent to that of a wild type at a particular temperature or less, but is reduced or eliminated relative to that wild type at a higher temperature. A preferable temperature at which this higher level of localization is reduced or eliminated as compared with a wild-type virus is about 37°C to about 38°C, which corresponds to mammalian body temperature. For example, various mutant virus strains are infected into cells, and then subcellular M protein localization is tested. Viruses in which particle formation ability has been reduced or eliminated can be isolated by selecting viruses by which M protein localization is reduced or eliminated.

In the screening method of the present invention it is preferable use a detection method that utilizes cell-surface M protein aggregation as an index to screen for (-)strand RNA viral vectors

in which particle formation ability has been reduced or eliminated. This screening method comprises the steps of (a) detecting cell-surface M protein aggregation in cells in which the vector has been introduced, and (b) selecting a vector by which aggregation has been reduced or eliminated. Reduction of aggregation refers to significant reduction of aggregation. Further, reduction of aggregation also includes the complete elimination of aggregation, and of M protein itself. Reduction or elimination of aggregation includes not only cases where aggregation is reduced or eliminated in all cells, but also cases where aggregation is reduced or eliminated on the cell surface of partial cell populations, and where aggregation is reduced or eliminated on partial cell surfaces. It also includes cases where aggregation is reduced or eliminated under a particular condition. For example, it also includes cases where the level of aggregation is equivalent to that of a wild type at a particular temperature or less, but reduced or eliminated relative to that wild type at a higher temperature. A preferable temperature at which aggregation is reduced compared to the wild-type virus, or eliminated, is about 37 to 38°C, which corresponds to mammalian body temperature. For example, various mutant virus strains are infected into cells, and then M protein localization on cell surfaces is tested. Viruses in which particle formation ability has been reduced or eliminated can be isolated by selecting a virus strains in which cell-surface M protein aggregation is reduced or eliminated.

In this invention, particle formation ability refers to the ability of a vector to release infective and non-infective viral particles from cells into which a viral vector has been infected. This release is called secondary release, and the particles are called virus-like particles (VLPs). In this invention, reduction and suppression of particle formation refers to a significant reduction in particle formation ability. This reduction in particle formation ability includes complete elimination of the ability to form particles. The reduction or elimination of particle formation ability includes cases where the average particle formation ability of a viral vector is reduced. For example, it includes cases where particle formation ability is reduced or eliminated in some of the infected cells, and

cases where particle formation ability is reduced or eliminated in part of the infected virus. Furthermore, it includes cases where particle formation ability is reduced or eliminated under a certain condition. For example, it includes cases where particle formation by a transgenic virus is similar to that by a wild-type virus at a specific temperature or lower, but is reduced or eliminated relative to that wild-type virus at temperatures above the specific temperature. Temperature conditions are preferably such that reduction or elimination of particle formation ability in the transgenic virus as compared to the wild-type virus occurs at 37°C to 38°C, which corresponds to mammalian body temperature (e. g., 37°C).

The reduction of particle formation ability in the viruses is statistically significant (for example, at a significant level of 5% or less). Statistical verification can be carried out using, for example, the Student *t*-test or the Mann-Whitney *U*-test. Particle formation ability in the virus is reduced to a level of 1/2 or less, preferably 1/5 or less, more preferably 1/10 or less, more preferably 1/30 or less, more preferably 1/50 or less, more preferably 1/100 or less, more preferably 1/300 or less, and more preferably 1/500 or less.

Elimination of particle formation ability includes quantitative or functional elimination of particle formation. Quantitative elimination of particle formation ability refers to cases where, for example, the VLPs are below the detection limit. In these cases, the number of VLPs is $10^3/\text{ml}$ or less, preferably $10^2/\text{ml}$ or less, and more preferably $10^1/\text{ml}$ or less. Functional elimination of particle formation ability refers to cases where a sample which possibly comprises VLPs is transfected to cells but does not result in detectable infectivity. Viral particles can be directly confirmed by observation under an electron microscope, etc. Alternatively, they can be detected and quantified using viral nucleic acids or proteins as indicators. For example, genomic nucleic acids in the viral particles may be detected and quantified using general methods of nucleic acid detection such as the polymerase chain reaction (PCR). Alternatively, viral particles comprising a foreign gene can be quantified by infecting them into cells and detecting expression of

that gene. Non-infective viral particles (virus-like particles, etc.) can be quantified by detecting gene expression after introducing the particles into cells in combination with a transfection reagent. Specifically, a lipofection reagent such as DOSPER Liposomal Transfection Reagent (Roche, Basel, Switzerland; Cat. No. 1811169) can be used. One hundred microliters of a solution with or without viral particles is mixed with 12.5 μ l of DOSPER, and allowed to stand for ten minutes at room temperature. The mixture is shaken every 15 minutes and transfected to cells confluent cultured on 6-well plates. Virus-like particles can be detected by the presence or absence of infected cells from the second day after transfection. Viral particles or infectivity can be determined by measurement using, for example, CIU assays or hemagglutination activity (HA) (Kato, A. et al., 1996, *Genes Cells* 1: 569-579; Yonemitsu, Y. & Kaneda, Y., "Hemagglutinating virus of Japan-liposome-mediated gene delivery to vascular cells.", Ed. by Baker AH., *Molecular Biology of Vascular Diseases. Method in Molecular Medicine*: Humana Press: pp. 295-306, 1999). Transfection can be carried out, for example, by using lipofection reagents. Transfection can also be performed, for example, by using DOSPER Liposomal Transfection Reagent (Roche, Basel, Switzerland; Cat No. 1811169). 12.5 μ l of DOSPER is mixed with 100 μ l of a solution with or without VLPs, and the mixture is allowed to stand at room temperature for ten minutes. The mixed solution is shaken every 15 minutes and transfected to cells confluent cultured on 6-well plates. The presence of VLPs can be tested by detecting the presence or absence of infected cells after two days.

A test virus to be used for the screening may be a spontaneous mutant strain or so on, or an artificially created mutant. A virus selected by screening can be used as the (-)strand RNA virus vector in which particle formation ability has been reduced or eliminated.

A gene leading to the reduction or elimination of particle formation ability in a (-)strand RNA virus vector can be screened using the above detection method. This screening method comprises the steps of (a) detecting M protein localization in cells into which the (-)strand RNA virus vector containing a test gene has been introduced, and (b) selecting genes which reduce or eliminate

localization. Reduction or elimination of localization can be detected as described above. For example, the localization screening method using cell-surface M protein aggregation as an index comprises the steps of (a) detecting cell-surface M protein aggregation in cells in which the (-)strand RNA virus vector containing a test gene has been introduced, and (b) selecting genes which reduce or eliminate aggregation. For example, viral vectors in which various mutant viral genes and other genes have been inserted are prepared, and these vectors are infected into cells, followed by detection of cell-surface M protein localization expressed from the infecting virus in the cells. A gene by which particle formation ability is reduced or eliminated can be isolated by selecting a gene contained in a viral vector by which cell-surface M protein aggregation of M protein has been reduced or eliminated. There is no particular limitation as to the test gene to be used in the screening, and such a gene may include a gene derived from a virus or cell, and a gene containing spontaneous or artificially created mutations. A test gene is preferably a mutant of a gene selected from the group consisting of the M, F, and HN genes of a (-)strand RNA virus. In some cases a gene functionally equivalent to the M gene of the (-)strand RNA virus is referred to as M1, and similarly, genes functionally equivalent to the F and HN genes can be referred to as G and H, respectively. In the present invention, the M gene includes the M1 gene, and the F and HN genes include the G and H genes respectively. The term "mutant" means, for example, a gene encoding a protein carrying one or more amino acid substitutions, deletions, additions, and/or insertions compared to the wild-type gene product. When the test gene is a mutant M gene, in the step (a), localization of the expression products of the mutant M gene is detected in cells in which the (-)strand RNA virus vector containing the test mutant M gene has been introduced. When the test genes are mutant F and/or HN genes, in the step (a), localization of M protein expressed from the vector is detected in cells in which the (-)strand RNA virus vector containing the test mutant F and/or HN genes have been introduced. A gene that reduces or eliminates M protein localization is selected by detecting M protein localization in the cells. For example, when M protein localization is tested using

cell-surface aggregation as an index, a gene that reduces or eliminates M protein aggregation is selected by detecting cell-surface M protein aggregation. Similar screening can be carried out by using, for example, a test gene that encodes a protein capable of interacting
5 with viral gene products such as the M, F, or HN proteins. The gene obtained can be used for producing a (-)strand RNA virus vector in which particle formation ability has been reduced or eliminated.

Herein, the term "a gene that reduces or eliminates M protein localization in cells" means a gene that causes a reduction or
10 elimination of subcellular M protein localization (namely, it alters the normal localization of M protein). For example, in addition to the expression of a gene which reduces or eliminates M protein localization, this phrase also includes cases where gene expression results in deficient M protein localization, or alterations of other
15 environmental factors (for example, pH, salt concentration, temperature, addition of compounds, co-expression of other genes, etc.).

Using this screening, a gene involved in the reduction or elimination of particle formation ability can be specified from the
20 above viruses, which were isolated by screening for (-)strand RNA virus vectors in which particle formation ability has been reduced or eliminated. Namely, genes that reduce or eliminate particle formation ability can be screened for using genes contained in an isolated virus as test genes. Genes obtained can be used for producing
25 the recombinant virus in which particle formation ability has been reduced or eliminated.

When using a gene isolated as described above to produce a (-)strand RNA virus vector in which particle formation ability has been reduced or eliminated, the present inventors found that (-)strand
30 RNA virus vectors retaining such a gene can be efficiently produced by a method comprising the step of reconstitution under conditions persistently complementing the reduction or elimination of M protein localization by the gene, for example, reduction or elimination of cell-surface M protein aggregation. The recombinant (-)strand RNA
35 virus vector in which particle formation ability has been reduced or eliminated, produced by the method of the present invention, has

the advantage that it does not release VLPs after introduction into target cells.

The term "conditions persistently complementing" means conditions where complementation is sustained for a period of time long enough to reconstitute the (-)strand RNA virus vector. Conditions of persistent complementation typically mean conditions where reduction or elimination of M protein localization in cells, for example, the reduction or elimination of cell-surface M protein aggregation, is continually complemented for at least two days, preferably four days or longer, more preferably seven days or longer, further preferably ten days or longer, and most preferably 14 days or longer.

For example, to produce a vector which comprises an M gene comprising a mutation by which cell-surface aggregation is reduced under a certain condition, the virus is reconstituted while persistently maintaining that condition (under which reduction of cell-surface aggregation is suppressed). For example, reconstitution may be carried out under a condition whereby the mutant phenotype is not expressed. Alternatively, the M protein mutant may be complemented by persistently expressing the wild-type M gene in cells. As a further example, where an M gene-deficient vector is produced, reconstitution can also be performed by persistently expressing the wild-type M gene in cells.

In the present invention it was revealed that when a viral vector was reconstituted at a low temperature, the reduction or elimination of normal M protein localization was suppressed, and thus the efficiency of virus reconstitution was significantly increased. Particularly, in the reconstitution of a vector comprising a mutant (or deficient) gene by which particle formation ability was reduced, reconstitution at 37°C and 38°C was inefficient, and cytotoxicity was also observed. Efficient reconstitution could be achieved at 35°C or lower, preferably at 32°C. Accordingly, in the present invention it is preferable to reconstitute viral vectors at 35°C or lower, more preferably at 34°C or lower, further preferably at 33°C or lower, most preferably at 32°C or lower.

The present invention provides, as one such method, a method

for reconstituting an M gene-deficient or M gene-mutated (-)strand RNA virus vector in particular. Namely, the present invention relates to a method for producing a recombinant (-)strand RNA virus vector in which particle formation ability has been reduced or eliminated, 5 which comprises the step of reconstituting, under a condition where the functional M protein is persistently expressed, a (-)strand RNA virus vector that reduces or eliminates M protein localization due to M gene deficiency or mutation. Specifically, for example, the present invention relates to a (-)strand RNA virus vector that reduces 10 or eliminates cell-surface M protein aggregation. The term "functional M protein" means the wild-type M protein or a protein comprising a function equivalent to that of this protein. Specifically, it means a protein comprising the activity of causing cell-surface aggregation, and thus of supporting particle formation 15 by a (-)strand RNA virus vector.

Particularly preferably embodiments of these methods include a method comprising a step of reconstituting a (-)strand RNA virus vector comprising a temperature-sensitive mutant M gene that reduces or eliminates localization of its gene product in cells, at allowable 20 temperatures. Temperature-sensitive mutation refers to a mutation that significantly reduces an activity at high temperatures (e.g., 37°C) compared to at low temperatures (e.g., 32°C). A specific example is a method comprising the step of reconstituting a (-)strand RNA virus vector comprising a temperature-sensitive mutant M gene that 25 reduces or eliminates aggregation of gene product on the cell surface, at allowable temperatures. The temperature-sensitive M gene mutation is not particularly limited, however includes, for example, at least one of the amino acid sites selected from the group consisting of G69, T116, and A118 from the Sendai virus M protein, preferably two 30 sites arbitrarily selected from among these, and more preferably all three sites. Other (-)strand RNA virus M proteins comprising homologous mutations can also be used as appropriate, and use is also not limited thereto. Herein, G69 means the 69th amino acid glycine in M protein, T116 is the 116th amino acid threonine in M protein, 35 and A183 is the 183rd amino acid alanine in M protein.

The gene encoding M protein (the M gene) is widely conserved

in (-)strand RNA viruses, and is known to interact with both the viral nucleocapsid and envelope (Garoff, H. *et al.*, Microbiol. Mol. Biol. Rev. 62:117-190 (1998)). The SeV M protein amino acid sequence 104 to 119 (104-KACTDLRITVRRTVRA-119 / SEQ ID NO: 38) is presumed to form an amphiphilic α -helix, and was identified as an important region for viral particle formation (Mottet, G. *et al.*, J. Gen. Virol. 80:2977-2986 (1999)). This region is widely conserved in (-)strand RNA viruses. M protein amino acid sequences are similar among (-)strand RNA viruses. In particular, known M proteins in viruses belonging to the subfamily Paramyxovirus are commonly proteins with 330 to 380 amino acid residues. Their structure is similar over the whole region, however the C-end halves in particular have high homology (Gould, A. R., Virus Res. 43:17-31 (1996), Harcourt, B. H. *et al.*, Virology 271:334-349 (2000)). Therefore, for example, amino acid residues homologous to G69, T116 and A183 of the SeV M protein can be easily identified.

Amino acid residues at sites homologous to other (-)strand RNA virus M proteins corresponding to G69, T116 and A183 of the SeV M proteins can be identified by one skilled in the art using SeV M protein alignments created using an amino acid sequence homology search program (which includes an alignment forming function) such as BLAST, or an alignment forming program such as CLUSTAL W. Examples of homologous sites in M proteins that correspond to G69 in the SeV M protein include G69 in human parainfluenza virus-1 (HPIV-1); G73 in human parainfluenza virus-3 (HPIV-3); G70 in phocine distemper virus (PDV) and canine distemper virus (CDV); G71 in dolphin morbillivirus (DMV); G70 in peste-des-petits-ruminants virus (PPRV), measles virus (MV) and rinderpest virus (RPV); G81 in Hendra virus (Hendra) and Nipah virus (Nipah); G70 in human parainfluenza virus-2 (HPIV-2); E47 in human parainfluenza virus-4a (HPIV-4a) and human parainfluenza virus-4b (HPIV-4b); and E72 in mumps virus (Mumps). (Descriptions in brackets indicate the abbreviation; letters and numbers indicate amino acids and positions.) Examples of homologous sites of M proteins corresponding to T116 in the SeV M protein include T116 in human parainfluenza virus-1 (HPIV-1); T120 in human parainfluenza virus-3 (HPIV-3); T104 in phocine distemper virus (PDV) and canine distemper

virus (CDV); T105 in dolphin morbillivirus (DMV); T104 in peste-des-petits-ruminants virus (PDPR), measles virus (MV), rinderpest virus (RPV); T120 in Hendra virus (Hendra) and Nipah virus (Nipah); T117 in human parainfluenza virus-2 (HPIV-2) and simian parainfluenza virus 5 (SV5); T121 in human parainfluenza virus-4a (HPIV-4a) and human parainfluenza virus-4b (HPIV-4b); T119 in mumps virus (Mumps); and S120 in Newcastle disease virus (NDV). Examples of homologous sites of M proteins corresponding to A183 of SeV M protein are A183 in human parainfluenza virus-1 (HPIV-1); F187 in human parainfluenza virus-3 (HPIV-3); Y171 in phocine distemper virus (PDV) and canine distemper virus (CDV); Y172 in dolphin morbillivirus (DMV); Y171 in peste-des-petits-ruminants virus (PDPR); measles virus (MV) and rinderpest virus (RPV); Y187 in Hendra virus (Hendra) and Nipah virus (Nipah); Y184 in human parainfluenza virus-2 (HPIV-2); F184 in simian parainfluenza virus 5 (SV5); F188 in human parainfluenza virus-4a (HPIV-4a) and human parainfluenza virus-4b (HPIV-4b); F186 in mumps virus (Mumps); and Y187 in Newcastle disease virus (NDV). Of the viruses mentioned here, viruses suitable for use in the present invention include those comprising genomes which encode an M protein mutant, where amino acid residue(s) have been substituted at any one of the above-mentioned three sites, preferably at an arbitrary two of these three sites, and more preferably at all three sites.

An amino acid mutation includes substitution with any other desirable amino acid. However, substitution is preferably with an amino acid with different chemical characteristics in its side chain. Amino acids can be divided into groups such as basic amino acids (e. g., lysine, arginine, histidine); acidic amino acids (e. g., aspartic acid, glutamic acid); uncharged polar amino acids (e. g., glycine, asparagine, glutamine, serine, threonine, tyrosine, cysteine); nonpolar amino acids (e. g., alanine, valine, leucine, isoleucine, proline, phenylalanine, methionine, tryptophane); β -branched amino acids (e. g., threonine, valine, isoleucine); and aromatic amino acids (e. g., tyrosine, phenylalanine, tryptophane, histidine). One amino acid residue, belonging to a group of amino acids, may be substituted for by another amino acid, which belongs to a different group. Specific examples include but are not limited to: substitution of

a basic amino acid with an acidic or neutral amino acid; substitution of a polar amino acid with a nonpolar amino acid; substitution of an amino acid of molecular weight greater than the average molecular weights of 20 naturally-occurring amino acids, with an amino acid of molecular weight less than this average; and conversely, substitution of an amino acid of molecular weight less than this average, with an amino acid of molecular weight greater than this average. For example, a mutant selected from the group consisting of G69E, T116A and A183S in the Sendai virus M protein, or comprising mutations homologous thereto, can be suitably used. Herein, G69E refers to a mutation wherein the 69th M protein amino acid glycine is substituted by glutamic acid, T116A refers to a mutation wherein the 116th M protein amino acid threonine is substituted by alanine, and A183S refers to a mutation wherein the 183rd M protein amino acid alanine is substituted by serine. In other words, G69, T116 and A183 in the Sendai virus M protein or homologous M protein sites in other viruses, can be substituted by glutamic acid (E), alanine (A) and serine (S) respectively. These mutations are preferably comprised in combination, and it is particularly preferable to comprise all three of the above-mentioned mutations. M gene mutagenesis can be carried out according to a known mutagenizing method. For example, as described in the Examples, a mutation can be introduced by using an oligonucleotide containing a desired mutation.

In the case of measles virus for example, it is possible to introduce the M gene sequence of temperature-sensitive strain P253-505, in which the epitope sequence of an anti-Mprotein monoclonal antibody has been altered (Morikawa, Y. et al., *Kitasato Arch. Exp. Med.*, 64; 15-30 (1991)). In addition, the threonine at residue 104 of the measles virus M protein, or the threonine at residue 119 of the mumps virus M protein, which correspond to the threonine at residue 116 of the SeV M protein, may be substituted with any other amino acid (for example, alanine).

Another particularly preferable embodiment of the above method of the present invention comprises the step of reconstituting the (-)strand RNA virus vector containing the deficient M gene, under a condition where the M gene, integrated in the chromosome of the

cells used for the reconstitution, is expressed. The term "M gene deficiency" refers to the deletion of a sequence encoding the functional M protein, including cases where an M gene comprising a functionally deficient mutation is present, and cases where the M gene is absent. A functionally deficient M gene mutation can be produced, for example, by deleting the M gene protein-encoding sequence, or by inserting another sequence. For example, a termination codon can be inserted partway through the M protein-encoding sequence (WO00/09700). Most preferably, the M gene-deficient vector is completely devoid of M protein-encoding sequence. Unlike a vector encoding a temperature-sensitive mutant M protein, a vector without an M protein open reading frame (ORF) cannot produce viral particles under any conditions.

In the present invention, it was found that recombinant viruses could be efficiently produced by integrating the M gene into the chromosomes of host cells used for vector reconstitution, and then persistently expressing and supplying M protein. Cells in which the M gene has been chromosomally integrated can be prepared, for example, by a method described in the Examples. The M gene may be constantly expressed, or inducibly expressed on viral reconstitution. Surprisingly, it was revealed that low-temperature reconstitution markedly improved vector production efficiency, even in the presence of wild-type M protein. Thus, vector reconstitution is preferably performed at a low temperature, specifically, at 35°C or a less, more preferably at 34°C or less, further preferably at 33°C or less, and most preferably at 32°C or less.

It is preferable for the (-)strand RNA virus vector to further comprise the deficient HN and/or F genes, or temperature-sensitive mutant HN and/or F genes, in a method for producing the recombinant (-)strand RNA virus vector in which particle formation ability has been reduced or eliminated, where that method comprises the step of reconstituting a (-)strand RNA virus vector that reduces or eliminates M protein localization by M gene deficiency or mutation under a condition where the functional M protein is persistently expressed. At non-permissive temperatures, particle formation ability was revealed to be extremely reduced, particularly in the case of a vector

containing a temperature-sensitive HN gene mutation in addition to an M gene deficiency or mutation. The temperature-sensitive HN gene mutation is not particularly limited, but for example comprises at least one of the amino acid sites selected from the group consisting of A262, G264, and K461 in the Sendai virus HN protein, preferably an arbitrary two of these sites, and more preferably all three sites. Other (-)strand RNA virus HN proteins comprising homologous mutations can also be suitably used, but are also not limited thereto. Herein, A262 means the 262nd HN protein amino acid alanine, G264 is the 264th HN protein amino acid glycine, and K461 is the 461st HN protein amino acid lysine. The amino acid mutation can be a substitution with any desired amino acid. However, it is preferably a substitution with an amino acid with different chemical side chain characteristics, as previously described in the case of M protein mutation. For example, it includes substitution by an amino acid belonging to a different group, as previously described. Specifically, mutants selected from the group consisting of A262T, G264R, and K461G in the Sendai virus HN protein, or comprising mutations homologous to the above-mentioned mutants, can be adequately used. Herein, A262T refers to a mutation wherein the 262nd HN protein amino acid alanine is substituted by threonine; G264R refers to a mutation in which the 264th HN protein amino acid glycine is substituted by arginine; and K461G refers to a mutation in which the 461st HN protein amino acid lysine is substituted by glycine. In other words, A262, G264, and K461 in the Sendai virus HN protein, or homologous sites in the HN protein of other viruses, can be substituted by threonine (T), arginine (R), and glycine (G), respectively. It is preferable to comprise a combination of these mutations, and is more preferable to comprise all three mutations.

An additional example refers to the Urabe AM9 strain of the mumps virus, which demonstrates temperature sensitivity and is used as a vaccine (Wright, K. E. et al., *Virus Res.*, 67; 49-57 (2000)). In the present invention, and with respect to this virus, mutations are preferably introduced at the 464th and 468th amino acids. Amino acid mutations at sites homologous to these can be applied to other (-)strand RNA viruses.

A deficient F gene is particularly preferable in a (-)strand RNA virus vector comprising a temperature-sensitive M gene. In addition, it is more preferable for the F gene-deficient vector comprising the temperature-sensitive M gene to further comprise an HN gene with a temperature-sensitive mutation. In the present invention, it was demonstrated that a high-titer F gene-deficient (-)strand RNA virus vector comprising temperature-sensitive M and HN genes could be produced by reconstituting the viral vector at a permissive temperature using an F protein-expressing helper cell. The vector was also shown to produce significantly fewer VLPs. In the present invention, "deficiency" of a gene means that the functional gene product (a protein in the case of a protein-encoding gene) is not substantially expressed. Gene deficiency includes a null phenotype for a subject gene. Gene deficiency also includes cases in which the gene has been deleted, where the gene is not transcribed due to mutations in the transcription initiation sequence or the like, where the functional protein is not produced due to frameshift or codon mutations or the like, where the activity of the expressed protein has been substantially eliminated (or extremely reduced (for example, to 1/10 or less)) due to amino acid mutations or the like, where protein translation is eliminated or extremely reduced (for example, to 1/10 or less), etc.

This invention also refers to recombinant viruses comprising mutations that stimulate sustained infection in the P gene or L gene of (-)strand RNA viruses. These mutations more specifically include mutation of the 86th SeV P amino acid glutamine (E86), substitution to another amino acid of the 511th SeV P amino acid leucine (L511), and substitution of homologous sites of other (-)strand RNA virus P proteins. The amino acid mutation may be a substitution to any other desirable amino acid, however is preferably a substitution to an amino acid with different chemical side chain characteristics, as described above. For example, the substitution includes substitution by an amino acid belonging to a different group, as previously described. More specific examples include the substitution of E86 by lysine (E86K), and the substitution of L511 by phenylalanine (L511F). In the case of L protein, substitution(s) of the 1197th amino acid asparagine

(N1197) and/or the 1795th amino acid lysine (K1795) by another amino acid, or substitutions at homologous sites of other (-)strand RNA virus L proteins, can also be included. An L protein gene comprising both of these two mutations in the L protein is especially preferable.

5 The amino acid mutation can also be a substitution by any selected amino acid, however it is preferably a substitution by an amino acid with different chemical side chain characteristics, as previously described. For example, a substitution by an amino acid belonging to a different group can be included. More specific examples include
10 the substitution of N1197 by serine (N1197S), and a substitution of K1795 by glutamic acid (K1795E). The presence of both P and L gene mutations remarkably increases sustained infectivity, suppression of secondary particle release, and cytotoxicity suppression. These effects can be dramatically increased by combining the
15 above-mentioned temperature-sensitive mutant gene(s) in HN protein and/or M protein. A recombinant (-)strand RNA virus comprising at least one temperature-sensitive mutation in the M and/or HN genes, and at least one sustained-infectivity type mutation in the P and/or L genes, is preferable. In particular, a virus with mutations in all
20 four genes (M, HN, P, and L) is further preferable. A virus comprising the three above-mentioned amino acid mutations in the M and HN genes (in SeV: G69, T116 and A183 in M; and A262, G264 and K461 in HN), and at least one of the two above-mentioned P gene mutations (E86 or L511 in SeV), and the two above-mentioned L gene mutations (N1197
25 and K1795 in SeV), is most preferable. These recombinant viruses comprising mutations in the P and/or L gene are preferable when a (-)strand RNA virus spike protein gene (e.g. the F gene) is lost. By producing a virus strain using a deficient F-gene and an F-helper cell which expresses F protein, it is possible to obtain a viral vector
30 that does not multiply after infecting target cells, and in which cytotoxicity is reduced and secondary particle production dramatically suppressed. Such a vector can express introduced gene(s) for longer periods than vectors with wild-type P or L genes. These viruses of the present invention are useful in gene transfer
35 for reducing cytotoxicity; suppressing reduced expression of introduced genes, and suppressing the release of virus and virus-like

particles (VLPs) from virus-infected cells.

This invention, as described in the specification, provides a method that decreases the degree of cytotoxicity in gene transfer. This method comprises the step of introducing a virus comprising
5 mutations or deficiencies in viral genes (e. g. the M, HN, P, or L gene, or combinations thereof) into cells. This invention also provides a method for suppressing the release of VLPs from virus-introduced cells in gene transfer, where this method comprises the step of introducing such a virus into cells. The degree of
10 cytotoxicity can be determined, for example, by measuring the release of LDH as described in the Examples. The level of expression of the introduced gene can be determined by Northern hybridization or RT-PCR using a fragment of the introduced gene as a probe or primer; by immunoprecipitation or Western blot analysis using an antibody
15 against the product of the introduced gene; or by measuring the activity of the product of the introduced gene. VLP release can be measured, for example, by determining HA activity as shown in the Examples. Alternatively, VLPs in the supernatant solution can be quantified by recovering the supernatant solution, and measuring the
20 expression of genes including VLPs after transfection into cells. It is preferable that reductions in cytotoxicity, introduced gene expression, and VLP release are, for example, statistically significant reductions (or suppressions) when compared to a virus without a corresponding mutation or deficiency (for example,
25 statistical level of 5% or less). Statistical analysis can be carried out, for example, using the Student *t*-test or the Mann-Whitney *U*-test. Reduction or suppression should preferably be to 90% or less of the reference virus, more preferably to 80% or less, even more preferably to 70% or less, or 60% or less. Reduction or suppression is more
30 preferably to 1/2 or less, more preferably to 1/3 or less, 1/5 or less, or 1/8 or less of the reference level.

This invention can be used in gene transfer to reduce cytotoxicity, to suppress reduced expression of introduced genes, and to suppress VLP release from cells introduced with viruses
35 comprising mutations or deficiencies in viral genes, as described in this specification. These viruses are viruses used in gene transfer

for reducing cytotoxicity, for suppressing reduced expression of introduced genes, or for suppressing VLP release from virus-introduced cells.

In the present invention, "(-)strand RNA virus" refers to an RNA virus comprising a negative strand as its genome. In the present invention, a (-)strand RNA virus preferably refers to a non-segmented (-)strand RNA virus, i.e. a single-strand RNA virus comprising a negative strand as its genome. The (-)strand RNA virus is exemplified by, for example, viruses belonging to the Paramyxoviridae family, such as the Sendai virus, Newcastle disease virus, mumps virus, measles virus, RS virus (Respiratory syncytial virus), rinderpest virus and distemper virus; viruses belonging to the Orthomyxoviridae family, such as the influenza virus; viruses belonging to the Rhabdoviridae family, such as vesicular stomatitis virus and rabies virus; etc. Herein, the (-)strand RNA virus vector is preferably a non-segmented type (-)strand RNA virus, and more preferably, a paramyxovirus.

In the present invention, preferable (-)strand RNA viruses include the Sendai virus (SeV), human parainfluenza virus-1 (HPIV-1), human parainfluenza virus-3 (HPIV-3), phocine distemper virus (PDV), canine distemper virus (CDV), dolphin morbillivirus (DMV), peste-des-petits-ruminants virus (PDPR), measles virus (MV), rinderpest virus (RPV), Hendra virus (Hendra), Nipah virus (Nipah), human parainfluenza virus-2 (HPIV-2), simian parainfluenza virus 5 (SV5), human parainfluenza virus-4a (HPIV-4a), human parainfluenza virus-4b (HPIV-4b), mumps virus (Mumps), and Newcastle disease virus (NDV). More preferably, examples include viruses selected from the group consisting of Sendai virus (SeV), human parainfluenza virus-1 (HPIV-1), human parainfluenza virus-3 (HPIV-3), phocine distemper virus (PDV), canine distemper virus (CDV), dolphin morbillivirus (DMV), peste-des-petits-ruminants virus (PDPR), measles virus (MV), rinderpest virus (RPV), Hendra virus (Hendra), and Nipah virus (Nipah).

The virus genes encoded by these viruses have been known. Accession numbers are exemplified below: AF014953 (CDV), X75961 (DMV), D01070 (HPIV-1), M55320 (HPIV-2), D10025 (HPIV-3), X85128 (Mapuera), D86172 (Mumps), K01711 (MV), AF064091 (NDV), X74443 (PDPR), X75717

(PDV), X68311 (RPV), X00087 (SeV), M81442 (SV5), and AF079780 (Tupaia) for N gene; X51869 (CDV), Z47758 (DMV), M74081 (HPIV-1), X04721 (HPIV-3), M55975 (HPIV-4a), M55976 (HPIV-4b), D86173 (Mumps), M89920 (MV), M20302 (NDV), X75960 (PDV), X68311 (RPV), M30202 (SeV), AF052755 (SV5), and AF079780 (Tupaia) for P gene; AF014953 (CDV), Z47758 (DMV), M74081 (HPIV-1), D00047 (HPIV-3), AB016162 (MV), X68311 (RPV), AB005796 (SeV), and AF079780 (Tupaia) for C gene; M12669 (CDV), Z30087 (DMV), S38067 (HPIV-1), M62734 (HPIV-2), D00130 (HPIV-3), D10241 (HPIV-4a), D10242 (HPIV-4b), D86171 (Mumps), AB012948 (MV), AF089819 (NDV), Z47977 (PDPR), X75717 (PDV), M34018 (RPV), U31956 (SeV), and M32248 (SV5) for M gene; M21849 (CDV), AJ224704 (DMV), M22347 (HPN-1), M60182 (HPIV-2), X05303 (HPIV-3), D49821 (HPIV-4a), D49822 (HPIV-4b), D86169 (Mumps), AB003178 (MV), AF048763 (NDV), Z37017 (PDPR), AJ224706 (PDV), M21514 (RPV), D17334 (SeV), and AB021962 (SV5) for F gene; AF112189 (CDV), AJ224705 (DMV), U709498 (HPIV-1), D000865 (HPIV-2), AB012132 (HPIV-3), M34033 (HPIV-4A), AB006954 (HPIV-4B), X99040 (Mumps), K01711 (MV), AF204872 (NDV), Z81358 (PDPR), Z36979 (PDV), AF132934 (RPV), U06433 (SeV), and S76876 (SV-5) for HN (H or G) gene. More than one strain is known for viral species, and genes comprising sequences other than those shown above may exist, depending on different strains.

In the present invention, "paramyxovirus" refers to viruses that belong to the family Paramyxoviridae, and to viruses derived from them. Paramyxovirus is a virus group with a non-segmented negative strand RNA genome. Paramyxoviruses in the present invention include the subfamily Paramyxovirinae (comprising the genus *Respirovirus* (also called the genus *Paramyxovirus*), the genus *Rubulavirus* and the genus *Morbillivirus*), and the subfamily Pneumovirinae (comprising the genus *Pneumovirus* and the genus *Metapneumovirus*). Paramyxoviruses to which the present invention can be applied include, for instance, viruses belonging to the Paramyxoviridae, such as the Sendai virus, Newcastle disease virus, mumps virus, measles virus, RS virus (Respiratory syncytial virus), rinderpest virus, distemper virus, simian parainfluenza virus (SV5), and human parainfluenza virus type 1, 2, and 3, etc. The viruses of the present invention are preferably viruses belonging to the subfamily Paramyxovirinae

(comprising the genus *Respirovirus*, the genus *Rubulavirus* and the genus *Morbillivirus*), and more preferably viruses belonging to the genus *Respirovirus* (also called the genus *Paramyxovirus*) or derivatives thereof. Examples of viruses of the genus *Respirovirus* to which the present invention can be applied include human parainfluenza virus type 1 (HPIV-1), human parainfluenza virus type 3 (HPIV-3), bovine parainfluenza virus type 3 (BPIV-3), Sendai virus (also called murine parainfluenza virus type 1), simian parainfluenza virus type 10 (SPIV-10), etc. The paramyxovirus of the present invention is most preferably the Sendai virus. These viruses may be derived from natural strains, wild-type strains, mutant strains, laboratory-passaged strains, artificially constructed strains, etc. Incomplete viruses such as the DI particle (J. Virol. 68, 8413-8417 (1994)), synthesized oligonucleotides, and so on, can also be utilized as material for producing the viral vector of the present invention. The (-)strand RNA viruses are suitable as vectors for gene transfer. Their transcription and replication only take place in the cytoplasm of host cells. They have no DNA phase, and thus chromosomal integration does not occur. Therefore, safety problems which depend on chromosomal aberration, such as canceration and immortalization, do not exist. These characteristics greatly contribute to the safety of (-)strand RNA viruses as vectors. The results of foreign gene expression suggest that nucleotide mutation does not take place, even during continuous multi-generational culture of SeV, indicating a highly stable genome, and stable expression of the inserted foreign gene over long periods (Yu, D. et al., Genes Cells 2: 457-466 (1997)). As (-)strand RNA viruses do not have capsid protein structure, they also possess advantages in packaging and size flexibility in the introduced gene. The SeV vector can be used to introduce foreign gene(s) of 4 kb or larger. By adding a transcription unit, two or more types of gene can be simultaneously expressed.

In rodents, the Sendai virus is known to be pathogenic and to cause pneumonia, but in humans it is non-pathogenic. This is supported by previous reports that the intranasal application of wild-type Sendai virus did not cause severe symptoms in non-human primates (Hurwitz, J. L. et al., Vaccine 15: 533-540 (1997)). Further

remarkable advantages are its "high infectivity" and "high expression level". SeV vectors infect by binding to sialic acid in the sugar-chain of cell membrane proteins. As sialic acid is expressed in almost all cells, a wider infection spectrum, i.e. high infectivity, is expected. Replicative vectors based on the SeV replicon can induce the re-infection of surrounding cells by released viral particles. Distribution to daughter cells, in line with cell division, is expected to result in sustained expression of RNP produced in multiple copies in the cytoplasm of infected cells. SeV vectors can be applied to a very wide range of different tissues. This broad range of infectivity indicates that these vectors can be applied in various types of antibody therapy (and analysis). Due to their characteristic expression mechanism, whereby transcription and replication only occur in the cytoplasm, expression of the introduced gene is shown to be very high (Moriya, C. et al., FEBS Lett. 425(1): 105-111 (1998); WO00/70070).

In the present invention, "vector" refers to a carrier that transfers nucleic acids into cells. In the present invention, "(-)strand RNA virus vector" refers to a vector (carrier) that is derived from a (-)strand RNA virus, and transfers nucleic acids into cells. In the present invention, the (-)strand RNA virus vector may be an infective virus particle. Virus particle refers to a nucleic-acid-containing minute particle that is released from a cell by the action of viral proteins. Virus particles can take various forms, e.g. that of spheres or rods, depending on the viral species. They are significantly smaller than cells, generally in the range of about 10 nm to about 800 nm. Paramyxovirus viral particles are structured such that the above-mentioned RNP comprises the genomic RNA and viral proteins, and is enclosed by a lipid membrane (or envelope) derived from the cell membrane. In the case of viruses whose genome includes genes that encode mutant viral proteins comprising amino acid substitution(s) (e.g. mutant M, HM, P, or L protein as described in the Examples), the viral vector can be a complex consisting of the genomic RNA of a (-)strand RNA virus, and the viral proteins, i.e. ribonucleoprotein (RNP). RNP can be introduced into target cells, for example, in combination with a desired transfection

reagent. Such RNP is, more specifically, a complex comprising the genomic RNA of a (-)strand RNA virus, N protein, P protein, and L protein. When RNP is introduced into cells, the viral proteins work to transcribe cistrons encoding viral proteins from the genomic RNA, so that the genome itself is replicated, and daughter RNPs are produced. Replication of the genomic RNA can be confirmed by detecting the increase in RNA copy number using RT-PCR, Northern hybridization, or such. Herein, "infectiveness" refers to the ability to introduce a gene from a vector into adhered cells, by maintaining the ability of a recombinant (-)strand RNA virus vector to adhere to cells. In a desirable embodiment, a (-)strand RNA virus vector is maintained such that it can express a foreign gene. A (-)strand RNA virus vector of the present invention does not comprise the replicative ability of a wild-type virus, because cell surface M protein aggregation has been reduced or eliminated, and particle formation suppressed. In the case of host cell infection by a viral vector, "replication ability" refers to the virus' ability to replicate in host cells, and to produce infective particles. Examples of host cells include LLC-MK2 and CV-1.

A (-)strand RNA virus vector contains the genomic RNA of a (-)strand RNA virus. "Genomic RNA" refers to RNA that comprises the ability to form (-)strand RNA viral proteins along with RNP, to use these proteins to express genes from the genome, and to then replicate these nucleic acids and form daughter RNPs. A (-)strand RNA virus comprises a negative strand RNA as its genome, and this kind of RNA encoded carried genes in the antisense mode. In general, (-)strand RNA viral genomes comprise viral genes in antisense series between the 3'-leader region and the 5'-trailer region. Between the open reading frames for each gene, a series of sequences is present: a transcription termination sequence (E sequence), intervening sequence (I sequence), and transcription initiation sequence (S sequence). Thus the RNA encoding each gene's open reading frame is transcribed as a separate cistron. Genomic RNAs included in the viruses of this invention encode (in antisense mode) nucleocapsid (N), phosphor (P) and large (L) proteins, and mutant proteins thereof. These proteins are necessary for the expression of genes encoded by

the RNAs, and for autonomous replication of the RNA themselves. In a preferable embodiment, the RNA does not encode matrix protein (M), which is needed for the formation of viral particles, nor does it encode mutant M protein. The RNA may or may not encode spike proteins, which are needed for viral particle infection. In a preferable embodiment, the RNA comprises a mutation in at least one spike protein. Alternatively, the RNA does not encode at least one spike protein. Paramyxovirus spike proteins include fusion protein (F protein), which induces fusion of cell membranes; and hemagglutinin-neuramidase protein (HN protein), which is needed for adhesion between proteins and cells.

"Recombinant" refers to a compound or composition produced via a recombinant polynucleotide. "Recombinant polynucleotide" refers to a polynucleotide that is not bound to its natural state. Specifically, recombinant polynucleotides include artificially rearranged polynucleotide chains, or artificially synthesized polynucleotides. Herein, a "recombinant" (-)strand RNA virus vector refers to a (-)strand RNA virus vector constructed by genetic engineering, or a (-)strand RNA virus vector obtained by amplifying this vector. Recombinant (-)strand RNA virus vectors can be generated, for example, by reconstituting recombinant (-)strand RNA virus cDNAs.

Genes encoding paramyxovirus viral proteins include, for example, the NP, P, M, F, HN and L genes. "NP, P, M, F, HN and L genes" refer to genes encoding nucleocapsid, phospho, matrix, fusion, hemagglutinin-neuraminidase and large proteins, respectively. Genes of viruses belonging to the subfamily Paramyxovirinae are represented in general as below: The NP gene is also generally described as the "N gene".

Genus Respirovirus	NP	P/C/V	M	F	HN	-	L
Genus Rubulavirus	NP	P/V	M	F	HN	(SH)	L
Genus Morbillivirus	NP	P/C/V	M	F	H	-	L

For example, database accession numbers for nucleotide sequences of Sendai virus genes classified into Respiroviruses of the family Paramyxoviridae are: M29343, M30202, M30203, M30204,

M51331, M55565, M69046 and X17218 for the NP gene; M30202, M30203, M30204, M55565, M69046, X00583, X17007 and X17008 for the P gene; D11446, K02742, M30202, M30203, M30204, M69046, U31956, X00584 and X53056 for the M gene; D00152, D11446, D17334, D17335, M30202, M30203, 5 M30204, M69046, X00152 and X02131 for the F gene; D26475, M12397, M30202, M30203, M30204, M69046, X00586, X02808 and X56131 for the HN gene; and D00053, M30202, M30203, M30204, M69040, X00587 and X58886 for the L gene.

The term "gene" used herein means a genetic substance, which 10 includes nucleic acids such as RNA, DNA, etc. In general, a gene may or may not encode a protein. In the present invention, a nucleic acid encoding a protein is called a protein gene. For example, a gene may encode a functional RNA such as a ribozyme, antisense RNA, etc. A gene may have a naturally derived or artificially designed sequence. 15 Herein, "DNA" includes single-stranded DNA and double-stranded DNA. The term "encoding a protein" refers to comprising an antisense or sense ORF, which encodes a protein amino acid sequence, such that a polynucleotide can be expressed under suitable conditions.

In the present invention, there is no particular limitation as 20 to the (-)strand RNA virus vector to be tested or produced. A preferred (-)strand RNA virus vector includes, for example, a vector exhibiting replicative capability, and which can self-replicate under conditions that ensure persistent complementation of the reduction or elimination of cell-surface M protein aggregation. For example, 25 the genome of natural paramyxoviruses generally contains a short leader region at the 3' end, followed by six genes encoding the N, P, M, F, HN and L proteins, and a short 5'-trailer region at the other end. A paramyxovirus vector capable of self-replication can be produced by designing a genome comprising a structure similar to this. 30 For example, a viral genome by which M protein localization is reduced or eliminated due to a mutation or deficiency in any one of these genes, or a viral genome comprising other genes by which M protein localization is reduced or eliminated, is constructed. Virus reconstitution is then carried out by transcribing the genome under 35 a condition ensuring complementation of the deficiency. A vector expressing a foreign gene can be prepared by inserting the foreign

gene into the genome. In a (-)strand RNA virus vector of the present invention, the arrangement of the viral genes may be modified to differ from that of the wild-type virus.

In the present invention's viral vector in which particle
5 formation ability has been reduced or eliminated, viral genes may be further deleted or mutagenized. For example, a viral vector comprising an M gene containing a temperature-sensitive mutation, or a viral vector with reduced particle formation ability due to M gene deletion, may contain mutations or deletions in the HN, F, and/or
10 other viral genes. For example, and as described in the Examples, the present invention facilitates production of a vector comprising a temperature-sensitive M gene, and further comprising an HN, F and/or other gene carrying a temperature-sensitive mutation, or comprising a deletion of an F, HN and/or other gene. In addition, a vector
15 comprising an M-gene deletion, and in which an F and/or HN gene has been deleted or carries mutations such as temperature-sensitive mutations, can be produced. When these vectors comprise a temperature-sensitive mutation, they are reconstituted at a permissive temperature. When a gene is deleted or deficient,
20 reconstitution is carried out by supplying, in a trans-acting fashion, gene products comprising normal function. For example, genes encoding these gene products are chromosomally integrated into host cells, an expression vector coding the vector genome is introduced and expressed, the gene products are thus supplied to the host cells,
25 and vector reconstitution can be carried out. The amino acid sequences of such gene products are not restricted to the virus-derived sequences themselves. If the nucleic acid-introducing activity of the viral vector to be produced is equivalent to or greater than that of the natural type, a mutation may be introduced into the sequence, or a
30 homologous gene derived from another virus may be used instead of that sequence.

Furthermore, it is possible to prepare a vector that contains, as an envelope, a protein different from the envelope protein of the virus from which the vector genome is derived. For example, when
35 reconstituting a viral vector, a virus comprising a desired envelope protein can be produced by expressing in cells an envelope protein

different to that encoded by the viral genome on which the vector is based. Such a protein is not particularly restricted, and for example includes envelope proteins from other viruses, e.g., G protein (VSV-G) from vesicular stomatitis virus (VSV). The (-)strand RNA virus vector of the present invention includes pseudo-type viral vectors comprising envelope proteins such as VSV-G protein, derived from viruses other than the virus from which the genome is derived.

For example, (-)strand RNA virus vectors of the present invention include those comprising, on the surface of their envelope, proteins such as adhesion factors, ligands, and receptors, capable of adhering to specific cells. These proteins can also include, for example, chimeric proteins that comprise such proteins in extracellular regions, or that comprise viral envelope-derived polypeptides in intracellular regions. In this way, vectors targeting specific tissues can be created. These proteins may be encoded in the viral genome, or supplied on viral vector reconstitution by the expression of genes other than those in the genome (e.g. other expression vectors or host chromosome genes).

Viral genes comprised by the (-)strand RNA virus vector of this invention may be modified from wild-type genes in order to, for example, reduce immunogenicity by vector-derived viral proteins, or to enhance RNA transcription and replication efficiency. Specifically, in paramyxoviral vectors for example, transcription or replication functions can be enhanced by modifying at least one of the replication factors: NP gene, P/C gene, and L gene. The structural protein HN comprises both hemagglutinin and neuraminidase activities. If, for example, the activity of the former can be reduced, the stability of the virus in blood can be enhanced. If, for example, the activity of the latter can be modified, infectivity can be regulated. Membrane fusion ability can be regulated by modifying the F protein, which is involved in membrane fusion. For example, by using analysis of the antigen-presenting epitopes and such of possible cell surface antigenic molecules, such as the F and HN proteins, a viral vector with weakened antigen-presenting ability against these proteins can be created.

A viral vector with a deficient accessory gene can be used as

the (-)strand RNA virus vector of the present invention. For example, by knocking out the V gene, an SeV accessory gene, SeV pathogenicity to hosts such as mice is markedly decreased without damaging gene expression and replication in cultured cells (Kato, A. et al., 1997, J. Virol. 71: 7266-7272; Kato, A. et al., 1997, EMBO J. 16:578-587; Curran, J. et al., WO01/04272, EP1067179). This kind of attenuated vector is particularly preferred as a viral vector for *in vivo* or *ex vivo* gene transfer.

The genomic RNA of a viral vector of the present invention may include RNA encoding a foreign gene. Recombinant viral vectors comprising foreign genes can be obtained by inserting these foreign genes into the viral vector genome. Any gene whose expression is desired in target cells may be used as the foreign gene. The foreign gene may be a gene encoding a natural protein, or a gene modified by deletion, substitution, or insertion, as long as it encodes a protein functionally equivalent to the natural protein. Alternatively, it may encode a deletion-type natural protein, or an artificial protein, or the like. For example, if gene therapy is intended, a gene for treating the target disease is inserted into the viral vector DNA. If a foreign gene is inserted into the viral vector DNA, for example, into the Sendai virus vector DNA, it is preferable to insert a sequence comprising a nucleotide number of multiple six between the transcription termination sequence (E) and transcription initiation sequence (S), etc. (Journal of Virology, Vol. 67, No. 8, 1993, p.4822-4830). Foreign genes may be inserted before and/or after each viral gene (e.g. the NP, P, M, F, HN and L genes). The E-I-S sequence (transcription termination sequence-intervening sequence-transcription initiation sequence) or portion thereof is appropriately inserted before or after a foreign gene, and an E-I-S sequence unit is located between each gene so as to avoid interference with the expression of genes before and/or after the foreign gene. Alternatively, foreign genes can be inserted using IRES.

Expression level of the inserted gene can be regulated by the type of transcription initiation sequence added upstream of the gene (WO01/18223), as well as by the site of gene insertion and the

nucleotide sequences before and after the gene. In the example of the Sendai virus, the closer the insertion site is to the 3'-end of the negative-strand RNA of the viral genome (in the gene arrangement of the wild type viral genome, the closer to the NP gene), the greater the expression of the inserted gene. To achieve high level expression of an inserted gene, the gene is preferably inserted into an upstream region (the 3'-side in the minus-strand), such as upstream of the NP gene (the 3'-side in the negative-strand) or between the NP and P genes. Conversely, the closer insertion is to the 5'-end of the negative-strand RNA (in the gene arrangement of the wild type viral genome, the closer to the L gene), the greater the reduction in expression of the inserted gene. To suppress foreign gene expression to a low level, the foreign gene is inserted, for example, to the far most 5'-side of the negative-strand, that is, downstream of the L gene in the wild type viral genome (the 5'-side adjacent to the L gene in the negative-strand) or upstream of the L gene (the 3'-side adjacent to the L gene in the negative-strand). Thus, the insertion position of a foreign gene can be properly adjusted so as to obtain a desired level of gene expression, or so as to optimize the combination of the foreign gene and the viral protein-encoding genes before and after it. Take, for example, the case where toxicity may be caused by overexpression of a gene introduced by inoculation using a high titer viral vector. In such a case, an appropriate therapeutic effect can be achieved not only by limiting the titer of the virus to be inoculated, but also by, for example, reducing the expression level of individual viral vectors, by inserting the gene into the vector at a position as close as possible to the 5'-terminus of the negative-strand genome, or by replacing the transcription initiation sequence with a less efficient sequence.

High expression of a foreign gene is generally advantageous, so long as cytotoxicity does not occur. Thus it is preferable to ligate the foreign gene with a highly efficient transcription initiation sequence, and to insert the gene near the 3'-terminus of the negative-strand genome. Examples of preferable vectors include vectors where the foreign gene is located on the 3'-side of any of the viral protein genes in the negative-strand genome of the (-) strand

RNA virus vector. For example, a vector in which the foreign gene is inserted upstream (at the 3'-side of the N gene-encoding sequence in the negative-strand) of the N gene is preferable. Alternatively, the foreign gene may be inserted immediately downstream of the N gene.

5 A foreign gene may also be inserted into the genomic region from which a viral gene, such as the M and/or F genes, has been deleted.

To simplify foreign gene insertion, a cloning site may be designed at the insertion point of the genome-encoding vector DNA. For example, the cloning site can be a restriction enzyme recognition sequence. A cloning site may also be a so-called multi-cloning site,

10 comprising multiple restriction enzyme recognition sequences. The (-)strand RNA viral vectors of this invention may also retain other foreign genes at insertion sites other than these.

In order to produce a (-)strand RNA virus vector, cDNA encoding the (-)strand RNA virus' genomic RNA is transcribed in mammalian cells, in the presence of viral proteins necessary for the reconstitution of RNP which comprises the (-)strand RNA virus' genomic RNA, i.e., in the presence of N, P, and L proteins. The viral RNP may be reconstituted by forming a negative strand genome (i.e., the antisense strand that is the same as the viral genome) or a positive strand (the sense strand encoding the viral proteins). For improved reconstitution efficiency, formation of the positive strand is preferable. The 3'-leader and 5'-trailer sequence at the RNA ends is preferably reflects the natural viral genome as accurately as possible.

20 To accurately control the 5'-end of the transcription product, a T7 RNA polymerase recognition sequence may be used as a transcription initiation site to express the RNA polymerase in cells. The 3'-end of the transcription product can be controlled, for example, by encoding a self-cleaving ribozyme onto this 3'-end, ensuring it is accurately cut (Hasan, M. K. et al., J. Gen. Virol. 78: 2813-2820 (1997); Kato, A. et al., EMBO J. 16: 578-587 (1997); and Yu, D. et al., Genes Cells 2: 457-466 (1997)).

25

Recombinant Sendai virus vectors comprising a foreign gene can be constructed according to, for example, the descriptions in "Hasan, M. K. et al., J. Gen. Virol. 78: 2813-2820, 1997", "Kato, A. et al., 1997, EMBO J. 16: 578-587" and "Yu, D. et al., 1997, Genes Cells 2:

30

457-466". This method is outlined below:

To introduce a foreign gene, a DNA sample comprising the cDNA nucleotide sequence of the desired foreign gene is first prepared. The DNA sample is preferably identified as a single plasmid
 5 electrophoretically at a concentration of 25 ng/μl or more. The following example describes the use of the NotI site in the insertion of a foreign gene into DNA encoding viral genomic RNA: If the target cDNA nucleotide sequence comprises a NotI recognition site, this site should be removed beforehand using a technique such as site-specific
 10 mutagenesis to change the nucleotide sequence, without changing the amino acid sequence it codes. The desired gene fragment is amplified and recovered from this DNA sample using PCR. By attaching NotI sites to the 5'-regions of the two primers, both ends of the amplified fragment become NotI sites. The E-I-S sequence (or its part, depending
 15 on the insertion site) is arranged such that it can be included in the primer, so that E-I-S sequence units can be placed between the ORFs either side of the viral genes, and the ORF of the foreign gene (after it has been incorporated into the viral genome).

For example, to assure cleavage by NotI, the forward side
 20 synthetic DNA sequence is arranged as follows: Two or more nucleotides (preferably four nucleotides excluding sequences such as GCG and GCC that are derived from the NotI recognition site; more preferably ACTT) are randomly selected on its 5'-side, and a NotI recognition site "gcgGCCgc" is added to its 3'-side. In addition, a spacer sequence
 25 (nine random nucleotides, or nucleotides of nine plus a multiple of six) and an ORF (a sequence equivalent to about 25 nucleotides and comprising the initiation codon ATG of the desired cDNA) are also added to the 3'-side. About 25 nucleotides are preferably selected from the desired cDNA, such that G or C are the final nucleotides
 30 on the 3'-end of the forward side synthetic oligo DNA.

The reverse side synthetic DNA sequence is arranged as follows: Two or more random nucleotides (preferably four nucleotides excluding sequences such as GCG and GCC that originate in the NotI recognition site; more preferably ACTT) are selected from the 5'-side, a NotI
 35 recognition site "gcgGCCgc" is added to the 3'-side, and an oligo DNA insertion fragment is further added to the 3'-side in order to

regulate length. The length of this oligo DNA is designed such that the number of nucleotides in the final PCR-amplified NotI fragment product, which comprises the E-I-S sequence, becomes a multiple of six (the so-called "rule of six"; Kolakofski, D. *et al.*, J. Virol. 72: 891-899, 1998; Calain, P. and Roux, L., J. Virol. 67: 4822-4830, 1993; Calain, P. and Roux, L., J. Virol. 67: 4822-4830, 1993). A sequence complementary to the Sendai virus S sequence, preferably 5'-CTTTCACCCT-3' (SEQ ID NO: 1), a sequence complementary to the I sequence, preferably 5'-AAG-3', and a sequence complementary to the E sequence, preferably 5'-TTTTTCTTACTACGG-3' (SEQ ID NO: 2), are further added to the 3'-side of the inserted fragment. The 3'-end of the reverse side synthetic oligo DNA is formed by the addition of a complementary sequence, equivalent to about 25 nucleotides counted in reverse from the termination codon of the desired cDNA, and whose length is selected such that G or C becomes the final nucleotide.

PCR can be carried out according to the usual method with, for example, ExTaq polymerase (Takara Shuzo). PCR is preferably performed using Vent polymerase (NEB), and more preferably Pfu polymerase (Toyobo). Desired fragments thus amplified are digested with NotI, and then inserted into the NotI site of the plasmid vector pBluescript. The nucleotide sequences of PCR products thus obtained are confirmed using a sequencer to select a plasmid comprising the right sequence. The inserted fragment is excised from the plasmid using NotI, and cloned to the NotI site of the plasmid carrying the genomic cDNA. Alternatively, recombinant Sendai virus cDNA can be obtained by directly inserting the fragment into the NotI site, without the mediation of the plasmid vector.

For example, a recombinant Sendai virus genome cDNA can be constructed according to the method described in the references (Yu, D. *et al.*, Genes Cells 2: 457-466, 1997; Hasan, M. K. *et al.*, J. Gen. Virol. 78: 2813-2820, 1997). For example, an 18-bp spacer sequence comprising a NotI restriction site (5'-(G)-CGGCCGAGATCTTCACG-3') (SEQ ID NO: 3) is inserted into a cloned Sendai virus genome cDNA (pSeV(+)) between the leader sequence and the ORF encoding N protein, and thus a plasmid pSeV18^b(+) containing a self-cleaving ribozyme

site derived from the antigenomic strand of delta-hepatitis virus is obtained (Hasan, M. K. et al., 1997, J. General Virology 78: 2813-2820).

For example, in the case of M gene deletion, or introduction
5 of a temperature-sensitive mutation to the M gene, the (-) strand virus' full genome cDNA is digested by a restriction enzyme, and the M gene-comprising fragments are collected and cloned into an appropriate plasmid. M gene mutagenesis or construction of an M gene-deficient site is carried out using this plasmid. The
10 introduction of a mutation can be carried out, for example, using a QuikChange™ Site-Directed Mutagenesis Kit (Stratagene, La Jolla, CA) according to the method described in the kit directions. For example, M gene deficiency or deletion can be carried out using a combined PCR-ligation method, whereby deletion of all or part of the
15 M gene ORF, and ligation with an appropriate spacer sequence, can be achieved. After obtaining an M gene-mutated or -deleted sequence of interest, fragments comprising the sequence are recovered, and the M gene region in the original full length cDNA is substituted by this sequence. Thus, viral genome cDNA or the like, comprising
20 a temperature-sensitive mutant M gene, can be prepared. Using similar methods, mutation can be introduced into, for example, F and/or HN genes.

A (-) strand RNA virus vector in which particle formation ability has been reduced or eliminated can be produced by transcribing the
25 DNA encoding the (-) strand RNA virus vector genome, and reconstituting the vector in cells under a condition ensuring the persistent complementation of the reduction or elimination of M protein localization. The present invention provides a DNA encoding the (-) strand RNA virus vector genome, to be used in the method of the
30 present invention for producing recombinant (-) strand RNA virus vectors in which particle formation ability has been reduced or eliminated. Further, the present invention relates to the use of vector genome-encoding DNA for the present invention's method for producing recombinant (-) strand RNA virus vectors in which particle
35 formation ability has been reduced or eliminated. Viral reconstitution from the viral vector DNA can be carried out using

a known method (WO97/16539; WO97/16538; Durbin, A. P. *et al.*, 1997, Virology 235: 323-332; Whelan, S. P. *et al.*, 1995, Proc. Natl. Acad. Sci. USA 92: 8388-8392; Schnell, M. J. *et al.*, 1994, EMBO J. 13: 4195-4203; Radecke, F. *et al.*, 1995, EMBO J. 14: 5773-5784; Lawson, N. D. *et al.*, Proc. Natl. Acad. Sci. USA 92: 4477-4481; Garcin, D. *et al.*, 1995, EMBO J. 14: 6087-6094; Kato, A. *et al.*, 1996, Genes Cells 1: 569-579; Baron, M. D. and Barrett, T., 1997, J. Virol. 71: 1265-1271; Bridgen, A. and Elliott, R. M., 1996, Proc. Natl. Acad. Sci. USA 93: 15400-15404). Using these methods, (-)strand RNA viruses, or RNP as viral components, can be reconstituted from their DNA, including viruses such as parainfluenza virus, vesicular stomatitis virus, rabies virus, measles virus, rinderpest virus, Sendai virus, etc.

Specifically, a recombinant (-)strand RNA virus vector can be produced by (a) transcribing a vector DNA encoding the negative strand RNA derived from a (-)strand RNA virus, or the complementary strand (positive strand) thereof, into cells expressing NP, P, and L proteins (helper cells), and (b) culturing these cells, or cells into which the viral vector obtained from these cells or its RNP constituent has been introduced, under a condition ensuring persistent complementation of the reduction or elimination of subcellular M protein localization (for example, the reduction or elimination of cell-surface M protein aggregation), and then recovering viral particles from this culture supernatant. The RNA transcribed from the vector DNA forms an RNP complex with NP, L, and P proteins, and further viral particles, coated with the capsid containing the envelope protein, are formed in step (b). In the present invention, the culture in step (b) is preferably carried out at a low temperature, specifically, at 35°C or lower, more preferably at 34°C or lower, further preferably at 33°C or lower, most preferably at 32°C or lower.

When a temperature-sensitive mutant protein is used, culturing the above cells "under a condition ensuring persistent complementation of the reduction or elimination of subcellular M protein localization" means, specifically, culturing these cells at a permissive temperature. When producing a virus carrying a gene deficiency (or deletion) mutation, this means, for example, culturing

under a condition where the wild-type gene, or a gene comprising a function equivalent thereto, is persistently expressed, and more specifically, for example, culturing under a condition where such a gene(s) has been integrated in the chromosome of helper cells and is expressed.

The DNA encoding the viral genome (vector DNA) which is to be expressed in the helper cells encodes the genome minus strand (negative strand RNA) or its complementary strand (positive strand RNA). For example, the DNA encoding the negative strand RNA or its complementary strand is placed downstream of a T7 promoter, and then transcribed into RNA using T7 RNA polymerase. A desired promoter that does not comprise the T7-polymerase recognition sequence can also be used. Alternatively, *in-vitro* transcribed RNA may be transfected into the helper cells. The strand to be transcribed in cells may be the positive or negative strand of the viral genome, but to increase reconstitution efficiency, the positive strand is preferably transcribed.

Methods for transferring vector DNA into cells include the following: 1) the method of preparing DNA precipitates that can be taken up by objective cells; 2) the method of preparing a positively charged DNA-comprising complex which has low cytotoxicity and can be taken up by target cells; and 3) the method of using electric pulses to instantaneously open holes in target cell membranes so that DNA molecules can pass through.

In the above method 2), a variety of transfection reagents can be utilized, examples being DOTMA (Boehringer), Superfect (QIAGEN #301305), DOTAP, DOPE, DOSPER (Boehringer #1811169), etc. An example of method 1) is a transfection method using calcium phosphate, in which DNA that enters cells is incorporated into phagosomes, but is also incorporated into the nuclei in sufficient amounts (Graham, F. L. and Van Der Eb, J., 1973, Virology 52: 456; Wigler, M. and Silverstein, S., 1977, Cell 11: 223). Chen and Okayama have investigated the optimization of the transfer technique, reporting that optimal precipitates can be obtained under conditions where 1) cells are incubated with co-precipitates in an atmosphere of 2% to 4% CO₂ at 35°C for 15 to 24 hours; 2) circular DNA with a higher activity than linear DNA is used; and 3) DNA concentration in the precipitate mixture

is 20 to 30 µg/ml (Chen, C. and Okayama, H., 1987, Mol. Cell. Biol. 7: 2745). Method 2) is suitable for transient transfection. In an older known method, a DEAE-dextran (Sigma #D-9885, M.W. 5×10^5) mixture is prepared in a desired DNA concentration ratio, and transfection is performed. Since many complexes are decomposed inside endosomes, chloroquine may be added to enhance results (Calos, M. P., 1983, Proc. Natl. Acad. Sci. USA 80: 3015). Method 3) is referred to as electroporation, and is more versatile than methods 1) and 2) because it doesn't involve cell selectivity. Method 3) is said to be efficient when conditions are optimal for pulse electric current duration, pulse shape, electric field potency (the gap between electrodes, voltage), buffer conductivity, DNA concentration, and cell density.

Of the above three categories, method 2) is easily operable, and facilitates examination of many test samples using a large numbers of cells. Transfection reagents are therefore suitable for cases where DNA is introduced into cells for vector reconstitution. Preferably, Superfect Transfection Reagent (QIAGEN, Cat. No. 301305) or DOSPER Liposomal Transfection Reagent (Roche, Cat. No. 1811169) is used, but the transfection reagents are not limited thereto.

Specifically, the reconstitution of viral vectors from cDNA can be performed, for example, as follows:

Simian kidney-derived LLC-MK2 cells are cultured to 70% to 80% confluency in 24-well to 6-well plastic culture plates, or 100 mm diameter culture dishes and such, using a minimum essential medium (MEM) containing 10% fetal calf serum (FCS) and antibiotics (100 units/ml penicillin G and 100 µg/ml streptomycin). These cells are then infected, for example, at 2 PFU/cell with recombinant vaccinia virus vTF7-3 expressing T7 polymerase. This virus has been inactivated by UV irradiation treatment for 20 minutes in the presence of 1 µg/ml psoralen (Fuerst, T. R. et al., Proc. Natl. Acad. Sci. USA 83: 8122-8126, 1986; Kato, A. et al., Genes Cells 1: 569-579, 1996). The amount of psoralen added and the UV irradiation time can be appropriately adjusted. One hour after infection, the lipofection method or the like is used to transfect cells with 2 µg to 60 µg, more preferably 3 µg to 30 µg, of the above-described DNA, which encodes the genomic RNA of the recombinant Sendai virus in which particle

formation ability has been reduced or eliminated. Such methods use Superfect (QIAGEN), and plasmids which express the trans-acting viral proteins required for the production of viral RNP (0.5 µg to 24 µg of pGEM-N, 0.5 µg to 12 µg of pGEM-P and 0.5 µg to 24 µg of pGEM-L, more preferably, for example, 1 µg of pGEM-N, 0.5 µg of pGEM-P and 1 µg of pGEM-L) (Kato, A. *et al.*, Genes Cells 1: 569-579, 1996). The ratio of expression vectors encoding N, P, and L is preferably 2:1:2. The amount of plasmid is appropriately adjusted, for example, to 1 µg to 4 µg of pGEM-N, 0.5 µg to 2 µg of pGEM-P, and 1 µg to 4 µg of pGEM-L. If genes necessary for particle formation are co-transfected at the time, the formed viral particles re-infect helper cells, and the virus can be further amplified. The transfected cells are cultured in a serum-free MEM containing 100 µg/ml each of rifampicin (Sigma) and cytosine arabinoside (AraC) if desired, more preferably containing only 40 µg/ml of cytosine arabinoside (AraC) (Sigma). Reagent concentrations are optimised for minimum vaccinia virus-caused cytotoxicity, and maximum recovery rate of the virus (Kato, A. *et al.*, 1996, Genes Cells 1, 569-579). After transfection, cells are cultured for about 48 hours to about 72 hours, recovered, and then disrupted by three repeated freezing and thawing cycles. LLC-MK2 cells are re-transfected with the disrupted cells, and then cultured under a condition where the reduction or elimination of subcellular M protein localization is persistently complemented. In this process, viral particles are formed, and the virus is amplified. Alternatively, the culture supernatant can be recovered and added to the culture medium of cells being cultured for viral production. The cells are cultured for three to seven days under a condition where the reduction or elimination of subcellular M protein localization is persistently complemented, and the culture solution is then collected.

RNP may be introduced to cells as a complex formed together with, for example, lipofectamine and a polycationic liposome. Specifically, a variety of transfection reagents can be utilized. Examples of these are DOTMA (Roche), Superfect (QIAGEN #301305), DOTAP, DOPE, DOSPER (Roche #1811169), etc. Chloroquine may be added to prevent RNP decomposition in endosomes (Calos, M. P., 1983, Proc. Natl. Acad.

Sci. USA 80: 3015).

When reconstituting a viral vector deficient in the gene encoding the envelope protein, LLC-MK2 cells expressing the envelope protein may be used for transfection, or co-transfected with an envelope-expression plasmid. Alternatively, the viral vector can be amplified by overlaying the transfected cells onto LLC-MK2 cells expressing the envelope protein, and culturing these cells under a condition where the reduction or elimination of subcellular M protein localization is persistently complemented (see WO00/70055 and WO00/70070). Alternatively, the above-mentioned cell lysate obtained by freeze-thawing may be inoculated through the allantoic membrane into 10-day old embryonated chicken eggs, which are maintained under a condition where the reduction or elimination of subcellular M protein localization is persistently complemented, and the allantoic fluids are recovered after approximately three days. Viral titers in culture supernatants or allantoic fluids can be determined by assaying hemagglutination activity (HA). HA can be determined by the "endo-point dilution method" (Kato, A. *et al.*, 1996, Genes Cells 1: 569-579; Yonemitsu, Y. & Kaneda, Y., Hemagglutinating virus of Japan-liposome-mediated gene delivery to vascular cells. Ed. by Baker AH. Molecular Biology of Vascular Diseases. Method in Molecular Medicine: Humana Press: pp. 295-306, 1999). The allantoic fluid samples obtained are suitably diluted to remove potentially contaminated T7 polymerase expressing-vaccinia virus (for example, diluted 10^6 times). The viruses can be amplified again in chicken eggs under a condition where the reduction or elimination of subcellular M protein localization is persistently complemented. Re-amplification can be repeated, for example, three times or more. The viral stock obtained can be stored at -80°C .

Potency of the recovered virus can be determined, for example, by measuring Cell-Infected Units (CIU) or hemagglutination activity (HA) (WO00/70070; Kato, A. *et al.*, Genes Cells 1: 569-579 (1996); Yonemitsu, Y. and Kaneda, Y., "Hemagglutinating virus of Japan-liposome-mediated gene delivery to vascular cells.", Ed. by Baker, A. H., Molecular Biology of Vascular Diseases. Methods in Molecular Medicine., Humana Press., pp. 295-306 (1999)). In the case

of vectors labeled with a marker gene, such as the green fluorescent protein (GFP) gene, the virus titer is quantified by directly counting infected cells using the marker as an indicator (e.g., as GFP-CIU). Titers thus determined can be considered equivalent to CIU (WO00/70070).

Host cells used for reconstitution are not restricted as long as the viral vector can be reconstituted. For example, in the reconstitution of the Sendai virus vector and such, monkey kidney-derived LLCMK2 cells and CV-1 cells, cultured cells such as hamster kidney-derived BHK cells, human-derived cells, and so on, can be used. By expressing a suitable envelope protein in these cells, infective virions comprising this protein in the envelope can be obtained. Large amounts of a viral vector can be obtained by infecting the viral vector obtained from the above host into embryonated chicken eggs, to amplify this vector under a condition where the reduction or elimination of subcellular M protein localization is persistently complemented. The method of producing viral vectors using chicken eggs has already been developed ("Shinkei-kagaku Kenkyu-no Saisentan Protocol III, Bunshi Shinkei Saibou Seirigaku (Leading edge techniques protocol III in neuroscience research, Molecular, Cellular Neurophysiology)", edited by Nakanishi, et al., KOSEISHA, Osaka, 1993, pp. 153-172). Specifically, for example, fertilized eggs are moved to an incubator, and the embryo is grown under culture for nine to twelve days at 37°C to 38°C. The viral vector is then inoculated into the allantoic membrane cavity, the egg is incubated for a few days to proliferate the viral vector, and the allantoic fluid containing the virus is then collected. Conditions such as culture duration change according to the recombinant virus amplified. Separation and purification of the viral vector from the allantoic fluid is done according to the usual methods ("Protocols of Virology" by Masato Tashiro, edited by Nagai and Ishihama, Medical View, pp.68-73, (1995)).

Specifically, for example, when intending to reconstitute a recombinant (-)strand RNA virus vector comprising a temperature-sensitive mutant M gene with which subcellular M protein localization is reduced or eliminated, the virus can be produced

through the steps of (a) transcribing a vector DNA encoding the negative strand RNA derived from the (-)strand RNA virus, or the complementary strand thereof (positive strand), in cells expressing NP, P, and L proteins (helper cells), and (b) culturing these cells, or cells in which the viral vector obtained from these cells or the RNP constituent thereof has been introduced, at a permissive or lower temperature, and recovering viral particles from the culture supernatant. In the present invention, particularly, it is preferable to carry out the culture of step (b) at a permissive or lower temperature. That is, 35°C or lower, more preferably 34°C or lower, further preferably 33°C or lower, most preferably 32°C or lower.

A (-)strand RNA virus vector, in which M protein has been deleted, can be constructed and prepared as follows:

<1> Construction of an M-deleted (-)strand RNA viral genome cDNA and M-expression plasmid

The full-length genome cDNA of a (-)strand RNA virus is digested with restriction enzymes, and fragments containing the M gene are recovered and cloned into pUC18. The M gene deletion site is built in this plasmid. The M gene is deleted by the combined use of PCR and a ligation method. The M gene ORF is removed, and the remainder is ligated together with an appropriate spacer sequence. Thus, M-deleted genomic cDNA is constructed. DNAs encoding the genome regions upstream and downstream of the M gene are amplified using PCR, and these fragments are then ligated to produce a plasmid containing the full-length M-deleted (-)strand RNA viral genome cDNA. A foreign gene can be inserted, for example, into a restriction site within the M-deleted site.

<2> Preparation of helper cells expressing the (-)strand RNA virus M protein in an inducible fashion

To prepare a vector in which it is possible to express the (-)strand RNA virus M protein in an inducible fashion, for example, inducible promoters or expression regulating systems using recombination (such as Cre/loxP) are used. A Cre/loxP inducible expression plasmid directing expression of the (-)strand RNA viral M gene is constructed by amplifying the (-)strand RNA virus M gene using PCR, and for example, inserting it at a unique SmaI site in

plasmid pCALNdlw, which has been designed to inducibly express gene products using Cre DNA recombinase (Arai, T. *et al.*, J. Virology 72, 1998, p1115-1121).

In order to recover infectious viral particles from an M-deficient genome, a helper cell line capable of persistently expressing M protein is established. For example, the monkey kidney-derived cell line LLC-MK2 or the like can be used for such cells. LLC-MK2 cells are cultured at 37°C in MEM containing 10% heat-treated immobilized fetal bovine serum (FBS), 50 units/ml sodium penicillin G, and 50 µg/ml streptomycin, under an atmosphere of 5% CO₂. The above-mentioned plasmid, which has been designed to inducibly express the M gene products with Cre DNA recombinase, is introduced into LLC-MK2 cells using a calcium-phosphate method (mammalian transfection kit (Stratagene)) according to known protocols.

For example, 10 µg of M-expression plasmid is transfected into LLC-MK2 cells grown to be 40% confluent in a 10-cm plate. These cells are then incubated in an incubator at 37°C, in 10 ml of MEM containing 10% FBS and under 5% CO₂. After 24 hours of incubation, the cells are harvested and suspended in 10 ml of medium. The suspension is then plated onto five dishes of 10-cm diameter: 5 ml of the suspension are added to one dish, 2 ml to two dishes, and 0.2 ml to two dishes. The cells in each dish are cultured with 10 ml of MEM containing 10% FBS and 1200 µg/ml G418 (GIBCO-BRL) for 14 days; the medium is changed every two days. Thus, cell lines in which the gene has been stably introduced are selected. The G418-resistant cells grown in the medium are harvested using cloning rings. Cells of each clone harvested are further cultured to confluence in a 10-cm plate.

High level expression of M protein in helper cells is important in recovering a high titer virus. For this purpose, for example, the above selection of M-expressing cells is preferably carried out twice or more. For example, an M-expressing plasmid comprising a drug-resistance marker gene is transfected, and cells comprising the M gene are selected using the drug. Following this, an M-expressing plasmid comprising a marker gene resistant to a different drug is transfected into the same cells, and cells are selected using this

second drug-resistance marker. Cells selected using the second marker are likely to express M protein at a higher level than cells selected after the first transfection. Thus, M-helper cells constructed through twice-repeated transfections can be suitably applied. Since the M-helper cells can simultaneously express the F gene, production of infective viral particles deficient in both F and M genes is possible (see Examples). In this case also, transfection of the F-gene-expressing plasmids more than twice is preferable in raising the level of F protein expression induction.

M protein induction expression is achieved by incubating cells to confluence in a 6-cm dish, and then, for example, infecting these cells with adenovirus AxCANCre at MOI= \sim 3, according to the method of Saito *et al.* (Saito *et al.*, Nucl. Acids Res. 23: 3816-3821 (1995); Arai, T. *et al.*, J. Virol. 72, 1115-1121 (1998)).

<3> Reconstitution and amplification of an M-deleted virus

To produce recombinant M-deficient (-)strand RNA virus particles using cells that express wild-type M protein or an equivalent protein (M helper cells), the M-deficient (-)strand RNA virus RNP may be introduced into or produced in these cells. RNP can be introduced into M helper cells, for example, by the transfection of RNP-containing cell lysate into M helper cells, or by cell fusion induced by the co-cultivation of RNP-producing cells and M helper cells. It can also be achieved by transcribing genomic RNA into M helper cells and conducting *de novo* RNP synthesis the presence of N, P, and L proteins. A recombinant viral vector can be reconstituted and produced from a (-)strand RNA viral genome cDNA in which the M gene has been deleted. Specifically, this can be achieved by (a) transcribing a vector DNA encoding the M gene-deleted negative strand RNA (derived from the (-)strand RNA virus or the complementary strand thereof (positive strand)) in cells expressing NP, P, and L proteins (helper cells), and (b) culturing these cells, or cells in which the viral vector obtained from these cells or the RNP constituent thereof has been introduced, under a condition ensuring expression of the chromosomally integrated M gene in these or the transfected cells, and then recovering viral particles from the culture supernatant. In the present invention, it is particularly preferable to carry out

the culture of step (b) at a permissive or lower temperature. Such a temperature can be 35°C or less, more preferably 34°C or less, further preferably 33°C or less, most preferably 32°C or less. In the production of a vector using a temperature-sensitive mutant M protein, the process of producing viral particles is necessarily carried out at less than the permissive temperature. However, surprisingly, the present inventors found that in the present method, efficient particle production was possible when the process of viral particle formation was carried out at low temperatures, even when using the wild-type M protein. In step (a), the expression of NP, P, and L proteins can be achieved, for example, by transfecting the expression plasmids encoding these proteins into cells. Further, in step (a), M protein may be expressed in the helper cells (in the case of an F and/or HN gene-deficient virus, these genes may also be expressed) (see the Examples). Alternatively, the cells to be used in step (b), in which the M gene has been chromosomally integrated, can also be used in step (a). RNP produced in step (a) can be introduced into the cells in step (b), for example, by disrupting the cells of step (a) by freeze-thawing, and then introducing the lysate into the cells of step (b) using known transfection reagents.

Specifically, for example, a plasmid encoding the above M-deleted (-) strand RNA viral genome is transfected into LLC-MK2 cells as follows: When inducing the transcription of genomic RNA using T7 RNA polymerase, LLC-MK2 cells are plated in a 100-mm Petri dish at 5×10^6 cells/dish, and cultured for 24 hours. The cells are then infected at room temperature for one hour with T7 RNA polymerase-expressing recombinant vaccinia virus (PLWUV-VacT7) (MOI=2), which has been treated with psoralen and long-wavelength ultraviolet light (365 nm) for 20 minutes (MOI=2~3, and preferably MOI=2 can also be used) (Fuerst, T.R. *et al.*, Proc. Natl. Acad. Sci. USA 83, 8122-8126 (1986)). The vaccinia virus is irradiated with ultraviolet light using, for example, a UV Stratalinker 2400 equipped with five 15 watt bulbs (catalogue No. 400676 (100V); Stratagene, La Jolla, CA, USA). The cells are washed three times. Plasmids expressing the genomic RNA, and plasmids directing the expression of NP, P, and L proteins (optionally, of M protein and others) are

suspended in OptiMEM (GIBCO), and SuperFect transfection reagent (1 μ g DNA/5 μ l SuperFect, QIAGEN) is added and mixed. The mixture is allowed to stand at room temperature for ten minutes, and then added to 3 ml of OptiMEM containing 3% FBS. Alternatively, plasmids
5 expressing the genomic RNA and plasmids expressing the N, P, L, F, and HN proteins respectively, may be used to transfect cells using appropriate lipofection reagents. The ratio of plasmids can be, for example, 6:2:1:2:2:2, but it is not limited thereto. After culturing for three to five hours, the cells are washed twice with serum-free
10 MEM, and then cultured for 24 to 70 hours in MEM containing 40 μ g/ml cytosine- β -D-arabinofuranoside (AraC, Sigma), and 7.5 μ g/ml trypsin (GIBCO). Herein, the cells may be overlaid with cells that express M protein continuously (M helper cells), at a density of about 8.5×10^6 cells/dish, and then cultured for a further two days at 37°C
15 in MEM containing 40 μ g/ml AraC and 7.5 μ g/ml trypsin. The cultured cells are collected and the precipitate is suspended in OptiMEM at 10^7 cells/ml. After mixing with the lipofection reagent DOSPER (Roche) by freezing and thawing three times (at 10^6 cells/25 μ l), the mixture is allowed to stand at room temperature for 15 minutes, and
20 is then transfected to the M-expressing helper cells that were cloned as described above (at 10^6 cells/well on a 12-well-plate). The transfected cells are cultured in serum-free MEM (containing 40 μ g/ml AraC and 7.5 μ g/ml trypsin), preferably at a low temperature, and the supernatant is recovered. Transfection without the addition of
25 a transfection reagent, such as Lipofection reagent DOSPER, is also possible in this process. Similarly, viral vectors with deficient F and/or HN proteins can be produced by deleting the F and/or HN genes from the genome, and then inducing co-expression of F and/or HN proteins in helper cells.

30 According to the present invention, a viral vector can be released into the external fluid of virus-producing cells, for example, at a titer of 1×10^5 CIU/ml or more, preferably 1×10^6 CIU/ml or more, more preferably 5×10^6 CIU/ml or more, more preferably 1×10^7 CIU/ml or more, more preferably 5×10^7 CIU/ml or more, more preferably 1×10^8
35 CIU/ml or more, and more preferably 5×10^8 CIU/ml or more. The virus titer can be measured by the methods described in the specification

and other literature (Kiyotani, K. *et al.*, Virology 177(1): 65-74 (1990); WO00/70070).

One preferred embodiment of a method for reconstituting a recombinant viral vector from the M-deleted (-) strand RNA viral genome cDNA is as follows: Namely, the method comprises the steps of (a) transcribing a vector DNA encoding the negative strand RNA in which the M gene has been deleted (derived from the (-) strand RNA virus, or the complementary strand thereof (positive strand)) in cells expressing the viral proteins necessary for the formation of infective viral particles (i.e., NP, NP, P, L, M, F, and HN proteins) (helper cells); (b) co-culturing these cells with cells expressing chromosomally integrated M gene (M helper cells); (c) preparing a cell extract from this culture; (d) introducing the extract into the cells expressing the chromosomally integrated M gene (M helper cells) and culturing these cells; and (e) recovering viral particles from the culture supernatant. Step (d) is preferably carried out under the low temperature conditions described above. The obtained viral particles can be amplified by re-infection of helper cells (preferably at low temperatures). Specifically, the virus can be reconstituted according to the description in the Examples.

When preparing a vector with deficient viral genes, for example, two or more vector types, each of which has a different deficient viral gene in its viral genome, are introduced into the same cells. Each deficient viral protein is expressed and supplied by the other vector, this mutual complementation results in the formation of infective viral particles, and the viral vector can be amplified in the replication cycle. Namely, when two or more types of vector of the present invention are inoculated in combination to complement viral proteins, mixed viral gene-deficient viral vectors can be produced on a large scale and at a low cost. As these viruses lack viral genes, their genome is smaller than that of an intact virus, and they can thus comprise larger foreign genes. In addition, co-infectivity is difficult to maintain in these viruses, which are non-propagative due to viral gene deficiency, and are diluted outside of cells. Such vectors are thus sterile, which is advantageous from the viewpoint of controlling environmental release.

A recovered (-)strand RNA virus can be purified so as to be substantially pure. Purification can be performed by known purification and separation methods including filtration, centrifugation, column chromatographic purification, and such, or by combination thereof. "Substantially pure" used herein means that the virus, as a component, is the main proportion of the sample in which the virus exists. Typically, substantially pure viral vectors can be detected by confirming that the ratio of virus-derived protein to total protein in the sample (except protein added as a carrier or stabilizer) is 10% or more, preferably 20% or more, more preferably 50% or more, more preferably 70% or more, more preferably 80% or more, and even more preferably 90% or more. Specifically, a (-)strand RNA virus can be purified, for example, by a method in which cellulose sulfate ester or crosslinked polysaccharide sulfate ester is used (Examined Published Japanese Patent Application (JP-B) No. Sho 62-30752; JP-B Sho 62-33879; JP-B Sho 62-30753), a method in which adsorption to fucose sulfate-containing polysaccharide and/or a decomposition product thereof is used (WO97/32010), etc.

When a viral vector is prepared using a therapeutic gene as the foreign gene, gene therapy can be carried out by administering that viral vector. In applying viral vectors produced by this invention to gene therapy, it is possible to express a foreign gene expected to comprise treatment effects, or an endogenous gene which is in insufficient supply in the patient's body. This can be achieved by either direct (*in vivo*) or indirect (*ex vivo*) administration of the complex. There is no particular limitation as to the type of foreign gene, and they may include nucleic acids that encode proteins, and nucleic acids that do not encode proteins, such as an antisense or ribozyme nucleic acids.

A (-)strand RNA virus vector produced by the method of the present invention can be formulated into a composition, as required, by combining it with a desired pharmaceutically acceptable carrier or solvent. A "pharmaceutically acceptable carrier or solvent" refers to a material that can be administered along with the vector, and that does not significantly inhibit gene transfer of that vector. For example, a vector can be formulated into a composition by

appropriately diluting it with physiological saline, phosphate-buffered physiological saline (PBS), or so on. When the (-)strand RNA virus vector is propagated in chicken eggs or so on, the composition may contain allantoic fluid. Further, a composition comprising the vector may contain carriers or solvents such as deionized water and 5% dextrose solution.. In addition to these, the composition can contain vegetable oil, suspending agent, detergent, stabilizer, biocide, etc. Further, preservatives and other additives can be added to the composition. Compositions containing the (-)strand RNA virus vector are useful as reagents and pharmaceuticals.

Vector dosage depends on the type of disease, the patient's weight, age, sex and symptoms, the purpose of administration, the dosage form of the composition to be administered, the method of administration, type of gene to be introduced, etc. However, those skilled in the art can determine the dosage properly. The administration dose of a (-)strand RNA virus vector is preferably within about 10^5 to 10^{11} CIU/ml, more preferably within about 10^7 to 10^9 CIU/ml, most preferably within about 1×10^8 to 5×10^8 CIU/ml. It is preferable to administer the vector mixed with pharmaceutically acceptable carriers. The preferred dose for each administration to a human individual is 2×10^9 to 2×10^{10} CIU. Administration can be carried out one or more times within the limits of clinically acceptable side effects. The frequency of daily administration can be similarly determined. When administering the viral vector to animals other than humans, for example, the dose to be administered can be determined by converting the above dose based on the weight ratio, or the volume ratio of the administration target sites (for example, an average value) between the target animals and humans. A composition containing the (-)strand RNA virus vector can be administered to all mammalian species including humans, monkeys, mice, rats, rabbits, sheep, cattle, dogs, etc.

Brief Description of the Drawings

Fig. 1 shows a schematic representation of the construction of an F-deleted SeV genome cDNA in which a temperature-sensitive mutation has been introduced into the M gene.

Fig. 2 shows the structures of viral genes constructed to suppress secondary particle release based on temperature-sensitive mutations introduced into the M gene, and viral genes constructed or used to test and compare the effects of these introduced mutations.

5 Fig. 3 shows microscopic images representing GFP expression in cells (LLC-MK2/F7/A) persistently expressing F protein, which were cultured at 32°C and 37°C for six days after infection with SeV18+/ Δ F-GFP or SeV18+/MtsHNts Δ F-GFP.

10 Fig. 4 shows a picture representing the result of semi-quantitative determination, over time and using Western-blotting, of F protein expression levels in cells (LLC-MK2/F7/A) persistently expressing SeV-F protein, which were cultured in trypsin-free, serum-free MEM at 32°C or 37°C.

15 Fig. 5 shows microscopic images representing GFP expression in LLC-MK2 cells which were cultured at 32°C, 37°C or 38°C for three days after infection with SeV18+GFP, SeV18+/ Δ F-GFP or SeV18+/MtsHNts Δ F-GFP at MOI=3.

20 Fig. 6 shows hemagglutination activity (HA activity) in the culture supernatant, which was sampled over time (fresh medium was introduced at the same time), of LLC-MK2 cells cultured at 32°C, 37°C or 38°C after infection with SeV18+GFP, SeV18+/ Δ F-GFP or SeV18+/MtsHNts Δ F-GFP at MOI= 3.

25 Fig. 7 shows pictures representing the ratio of M protein level in cells to that in virus-like particles (VLPs). This ratio was determined by Western-blotting using an anti-M antibody. The culture supernatant and cells were recovered from a LLC-MK2 cell culture incubated at 37°C for two days after infection with SeV18+GFP, SeV18+/ Δ F-GFP or SeV18+/MtsHNts Δ F-GFP at MOI=3. Each lane contained the equivalent of 1/10 of the content of one well from a 6-well plate
30 culture.

Fig. 8 shows SEAP activity in the culture supernatant of LLC-MK2 cells cultured for 12, 18, 24, 50, or 120 hours after infection with SeV18+SEAP/ Δ F-GFP or SeV18+SEAP/MtsHNts Δ F-GFP at MOI=3.

35 Fig. 9 shows HA activity in the culture supernatant of LLC-MK2 cells cultured for 24, 50, or 120 hours after infection with SeV18+SEAP/ Δ F-GFP or SeV18+SEAP/MtsHNts Δ F-GFP at MOI=3.

Fig. 10 shows a picture representing the quantity of VLPs determined by Western-blotting using an anti-M antibody. LLC-MK2 cells were cultured for five days after infection with SeV18+SEAP/ Δ F-GFP or SeV18+SEAP/MtsHNts Δ F-GFP at MOI=3. The culture supernatant was centrifuged to recover the viruses. Each lane contained the equivalent of 1/10 of the content of one well from a 6-well plate culture.

Fig. 11 shows cytotoxicity estimates based on the quantity of LDH released into the cell culture medium. LLC-MK2, BEAS-2B or CV-1 cells were infected with SeV18+GFP, SeV18+/ Δ F-GFP or SeV18+/MtsHNts Δ F-GFP at MOI=0.01, 0.03, 0.1, 0.3, 1, 3, or 10. Cells were cultured in a serum-free or 10% FBS-containing medium, and the cytotoxicity assay was carried out three or six days after infection, respectively.

Fig. 12 shows pictures representing the subcellular localization of M protein in LLC-MK2 cells cultured at 32°C, 37°C or 38°C for two days after infection with SeV18+GFP, SeV18+/ Δ F-GFP or SeV18+/MtsHNts Δ F-GFP at MOI=1, which was observed by immunostaining using an anti-M antibody.

Fig. 13 shows stereo three-dimensional images for the subcellular localization of M and HN proteins observed under a confocal laser microscope. A-10 cells were infected with SeV18+SEAP/ Δ F-GFP or SeV18+SEAP/MtsHNts Δ F-GFP at MOI=1, and then cultured at 32°C or 37°C for one day. These images were obtained by immunostaining using an anti-M antibody and anti-HN antibody.

Fig. 14 shows stereo three-dimensional images for the subcellular localization of M and HN proteins observed under a confocal laser microscope. A-10 cells were infected with SeV18+SEAP/ Δ F-GFP or SeV18+SEAP/MtsHNts Δ F-GFP at MOI=1, and then cultured at 32°C or 37°C for two days. These images were obtained by immunostaining using an anti-M antibody and anti-HN antibody.

Fig. 15 shows pictures representing the effect of microtubule depolymerization reagent on the subcellular localization of M and HN proteins. A-10 cells were infected with SeV18+SEAP/MtsHNts Δ F-GFP at MOI=1, and a microtubule depolymerization reagent, colchicine or colcemid, was immediately added to these cells at a final concentration

of 1 μ M. The cells were cultured at 32°C. After two days, the cells were immunostained with an anti-M antibody and anti-HN antibody and then observed under a confocal laser microscope. These photographs show stereo three-dimensional images of the subcellular localization of M and HN proteins.

Fig. 16 shows pictures representing the effect of microtubule depolymerization reagent on the subcellular localization of M and HN proteins. A-10 cells were infected with SeV18+/ Δ F-GFP or SeV18+/MtsHNts Δ F-GFP at MOI=1, and a microtubule depolymerization reagent, colchicine, was immediately added to the cells at a final concentration of 1 μ M. The cells were cultured at 32°C or 37°C. After two days, these cells were immunostained with anti-M antibody and anti-HN antibody, and then observed under a confocal laser microscope. These photographs show stereo three-dimensional images for the subcellular localization of M and HN proteins.

Fig. 17 shows the construction scheme of the genome cDNA of the F-deficient SeV comprising P and L gene mutations.

Fig. 18 shows the result of the secondary release of viral particles from cells infected by the F-deficient SeV comprising P and L gene mutations. "dF" represents SeV18+/ Δ F-GFP. "P86" represents SeV18+/P86Lmut Δ F-GFP. "P511" represents SeV18+/P511Lmut Δ F-GFP.

Fig. 19 shows the cytotoxicity results for the F-deficient SeV comprising P and L gene mutations. "P86" represents SeV18+/P86Lmut Δ F-GFP. "P511" represents SeV18+/P511Lmut Δ F-GFP. "DF" represents SeV18+/ Δ F-GFP.

Fig. 20 shows the change in the number of cells expressing the introduced gene (GFP) in the CV-1 cells that were infected by the F-deficient SeV comprising P and L gene mutations. "P86" represents SeV18+/P86Lmut Δ F-GFP. "P511" represents SeV18+/P511Lmut Δ F-GFP. "dF" represents SeV18+/ Δ F-GFP.

Fig. 21 shows photographs representing expression of the introduced gene (GFP) in the CV-1 cells that were infected by the F-deficient SeV comprising P and L gene mutations. "P86" represents SeV18+/P86Lmut Δ F-GFP. "P511" represents SeV18+/P511Lmut Δ F-GFP. " Δ F" represents SeV18+/ Δ F-GFP.

Fig. 22 shows the constitutive expression of the introduced gene (SEAP) in cells infected with F-deficient SeV comprising P and L gene mutations. "NC" represents the negative control into which no vector was introduced. "dF" represents SeV18+SEAP/ Δ F-GFP. "p86" represents SeV18+SEAP/P86Lmut Δ F-GFP. "P511" represents SeV18+SEAP/P511Lmut Δ F-GFP.

Fig. 23 shows the result of the secondary release of viral particles from the cells that were infected by the F-deficient SeV (SEAP gene-comprising type) comprising P and L gene mutations. "dF" represents SeV18+SEAP/ Δ F-GFP. "p86" represents SeV18+SEAP/P86Lmut Δ F-GFP. "P511" represents SeV18+SEAP/P511Lmut Δ F-GFP.

Fig. 24 shows cytotoxicity results for F-deficient SeV (SEAP gene-comprising type) comprising P and L gene mutations. "dF+SEAP" represents SeV18+SEAP/ Δ F-GFP. "p86+SEAP" represents SeV18+SEAP/P86Lmut Δ F-GFP. "P511+SEAP" represents SeV18+SEAP/P511Lmut Δ F-GFP.

Fig. 25 shows the genomic structure of the F-deficient SeV comprising temperature-sensitive mutations in the M and HN genes and mutations in the P and L genes.

Fig. 26 shows the construction scheme for the genome cDNA of the F-deficient SeV comprising temperature-sensitive mutations in the M and HN genes and mutations in the P and L genes.

Fig. 27 shows the result of the secondary release of viral particles from cells infected with F-deficient SeV comprising temperature-sensitive mutations in the M and HN genes and mutations in the P and L genes. "dF" represents SeV18+/ Δ F-GFP. "ts" represents SeV18+/MtsHNts Δ F-GFP. "ts+86" represents SeV18+/MtsHNts P86Lmut Δ F-GFP. "ts+511" represents SeV18+/MtsHts P511Lmut Δ F-GFP.

Fig. 28 shows cytotoxicity results for F-deficient SeV comprising temperature-sensitive mutations in the M and HN genes and mutations in the P and L genes. "dF" represents SeV18+/ Δ F-GFP. "ts" represents SeV18+/MtsHNts Δ F-GFP. "ts+86" represents SeV18+/MtsHNts P86Lmut Δ F-GFP. "ts+511" represents SeV18+/MtsHts P511Lmut Δ F-GFP.

Fig. 29 shows the results of time-course expression for a foreign gene in the F-deficient SeV (foreign gene-comprising type) comprising

temperature-sensitive mutations in the M and HN genes and mutations in the P and L genes. "dF" represents SeV18+SEAP/ Δ F-GFP. "ts+86" represents SeV18+SEAP/MtsHNts P86Lmut Δ F-GFP. "ts+511" represents SeV18+SEAP/MtsHNts P511Lmut Δ F-GFP.

5 Fig. 30 shows the results of cytotoxicity time-courses for the F-deficient SeV (foreign gene-comprising type) comprising temperature-sensitive mutations in the M and HN genes and mutations in the P and L genes. "dF" represents SeV18+SEAP/ Δ F-GFP. "dF/ts+P86L" represents SeV18+SEAP/MtsHNts P86Lmut Δ F-GFP.
10 "dF/ts+P511L" represents SeV18+SEAP/MtsHNts P511Lmut Δ F-GFP.

Fig. 31 shows a schematic representation of the construction of an M-deleted SeV genome cDNA comprising the EGFP gene.

Fig. 32 shows a schematic representation of the construction of an F- and M-deleted SeV genome cDNA.

15 Fig. 33 shows the structures of the constructed F- and/or M-deleted SeV genes.

Fig. 34 shows a schematic representation of the construction of an M gene-expressing plasmid comprising the hygromycin-resistance gene.

20 Fig. 35 shows pictures representing a semi-quantitative comparison, by Western-blotting, of the expression levels of M and F proteins in cloned cells inducibly expressing the cloned M protein (and F protein); following infection with a recombinant adenovirus (AccANCre) that expresses Cre DNA recombinase.

25 Fig. 36 shows pictures representing the viral reconstitution of M-deleted SeV (SeV18+/ Δ M-GFP) with helper cell (LLC-MK2/F7/M) clones #18 and #62.

Fig. 37 shows the viral productivity of SeV18+/ Δ M-GFP (CIU and HAU time courses).

30 Fig. 38 shows pictures and an illustration representing the result of RT-PCR confirming gene structure in SeV18+/ Δ M-GFP virions.

Fig. 39 shows pictures representing the result of a comparison of SeV18+/ Δ M-GFP with SeV18+GFP and SeV18+/ Δ F-GFP, where, after infection of LLC-MK2 cells, Western-blotting was carried out on the
35 viral proteins from these cells and cell cultures to confirm the viral structure of SeV18+/ Δ M-GFP from a protein viewpoint.

Fig. 40 shows pictures representing a quantitative comparison of virus-derived proteins in the culture supernatant of LLC-MK2 cells infected with SeV18+/ Δ M-GFP and SeV18+/ Δ F-GFP (a series of dilutions were prepared and assayed using Western-blotting). Anti-SeV antibody was used.

Fig. 41 shows HA activity in the culture supernatant, collected over time, of LLC-MK2 cells infected with SeV18+/ Δ M-GFP or SeV18+/ Δ F-GFP at MOI=3.

Fig. 42 shows fluorescence microscopic images obtained five days after LLC-MK2 cells were infected with SeV18+/ Δ M-GFP or SeV18+/ Δ F-GFP at MOI=3.

Fig. 43 shows fluorescence microscopic images of LLC-MK2 cells prepared as follows: LLC-MK2 cells were infected with SeV18+/ Δ M-GFP or SeV18+/ Δ F-GFP at MOI=3, and then five days after infection the culture supernatant was recovered and transfected into LLC-MK2 cells using a cationic liposome (Dosper). Microscopic observation was carried out after two days.

Fig. 44 shows pictures representing the viral reconstitution of F- and M-deleted SeV (SeV18+/ Δ M Δ F-GFP).

Fig. 45 shows fluorescence microscopic images obtained three and five days after cells expressing both M and F (LLC-MK2/F7/M62/A) were infected with SeV18+/ Δ M-GFP or SeV18+/ Δ F-GFP.

Fig. 46 shows the construction scheme of M or G gene expression-inducing vectors comprising the zeocin-selective marker.

Fig. 47 shows photographs representing the expression of M and F proteins in helper cells expressing M and F.

Fig. 48 shows photographs representing the GFP expression in cells infected by M/F double-deficient SeV comprising the GFP gene.

Fig. 49 shows the result of virus production by cells infected by M/F double-deficient SeV comprising the GFP gene.

Fig. 50 shows photographs indicating the result of confirmation of the M/F double-deficient SeV genomic structure using RT-PCR. "dF" represents SeV18+/ Δ F-GFP. "dM" represents SeV18+/ Δ M-GFP. "dMdF" represents SeV18+/ Δ M Δ F-GFP.

Fig. 51 shows photographs representing the result of confirmation of the absence of M and F protein expression in cells

infected by M/F double-deficient SeV.

Fig. 52 shows the results of analysis of the presence and absence of the secondary release of viral particles from cells infected by M/F double-deficient SeV, analyzed by measuring HA activity.

5 Fig. 53 shows photographs representing the results of analysis of the presence and absence of the secondary release of viral particles from cells infected by M/F double-deficient SeV, analyzed using culture supernatant fluid transfection.

10 Fig. 54 shows photographs representing the infectivity of M/F double-deficient SeV and M-deficient SeV in nerve cells of the cerebral cortex.

Fig. 55 shows photographs representing the expression of induced genes after the *in vivo* application of M/F double-deficient SeV and M-deficient SeV into Mongolian gerbil brains.

15 Fig. 56 shows the results of infectivity-dependent cytotoxicity for M/F double-deficient SeV and M-deficient SeV. "Positive control" represents SeV with full replicative activity (SeV18+GFP). "dF" represents SeV18+/ Δ F-GFP. "dM" represents SeV18+/ Δ M-GFP. "dMdF" represents SeV18+/ Δ M Δ F-GFP.

20 Best Mode for Carrying Out the Invention

The present invention is illustrated in detail below with reference to Examples, but is not to be construed as being limited thereto. All references cited herein are incorporated by reference.

25 [Example 1] Construction of an F-deleted SeV genome cDNA in which temperature-sensitive mutations have been introduced

Fig. 1 shows a scheme that represents the construction of a F-deficient SeV genome cDNA introduced with temperature-sensitive mutations, described as follows: An F-deleted full-length Sendai viral genome cDNA containing the EGFP gene at the F deletion site (pSeV18+/ Δ F-GFP: Li, H.-O. et al., J. Virology 74, 6564-6569 (2000); W000/70070) was digested with NaeI. The M gene-containing fragment (4922 bp) was separated using agarose electrophoresis. After cutting
30 the band of interest out, the DNA was recovered by QIAEXII Gel Extraction System (QIAGEN, Bothell, WA) and subcloned into
35

pBluescript II (Stratagene, La Jolla, CA) at the EcoRV site (pBlueNaeIfrg-ΔFGFP construction). Introduction of temperature-sensitive mutations into the M gene of pBlueNaeIfrg-ΔFGFP was achieved using a QuikChange™ Site-Directed Mutagenesis Kit (Stratagene, La Jolla, CA), according to kit method. The three types of mutation introduced into the M gene were G69E, T116A and A183S, based on the sequence of the Cl.151 strain reported by Kondo *et al.* (Kondo, T. *et al.*, J. Biol. Chem. 268: 21924-21930 (1993)). The sequences of the synthetic oligonucleotides used to introduce the mutations were:

G69E (5'-gaaacaaacaaccaatctagagagcgatatctgacttgac-3'/SEQ ID NO: 4, 5'-gtcaagtcagatacgctctctagattgggtgtttgtttc-3'/SEQ ID NO: 5), T116A (5'-attacggtgaggagggtgttcgagcaggag-3'/SEQ ID NO: 6, 5'-ctcctgctcgaacagccctcctcaccgtaaat-3'/SEQ ID NO: 7) and A183S (5'-ggggcaatcaccatatccaagatcccaaagacc-3'/SEQ ID NO: 8, 5'-ggtctttgggatcttgatatggtgattgcccc-3'/SEQ ID NO: 9).

The plasmid pBlueNaeIfrg-ΔFGFP, whose M gene contains the three mutations, was digested with SalI and then partially digested with ApaLI. The fragment containing the entire M gene was then recovered (2644 bp). pSeV18+/ΔF-GFP was digested with ApaLI/NheI, and the HN gene-containing fragment (6287 bp) was recovered. The two fragments were subcloned into Litmus38 (New England Biolabs, Beverly, MA) at the SalI/NheI site (LitmusSalI/NheIfrg-MtsΔFGFP construction). Temperature-sensitive mutations were introduced into the LitmusSalI/NheIfrg-MtsΔFGFP HN gene in the same way as for the introduction of mutations into the M gene, by using a QuikChange™ Site-Directed Mutagenesis Kit according to kit method. The three mutations introduced into the HN gene were A262T, G264R and K461G, based on the sequence of ts271 strain reported by Thompson *et al.* (Thompson, S.D. *et al.*, Virology 160: 1-8 (1987)). The sequences of the synthetic oligonucleotides used to introduce the mutations were: A262T/G264R (5'-catgctctgtggtgacaacccggactaggggttatca-3'/SEQ ID NO: 10, 5'-tgataacccttagtccgggtgtgcaccacagagcatg-3'/SEQ ID NO: 11), and K461G (5'-cttgtctagaccaggaaatgaagagtgcattggtacaata-3'/SEQ ID NO: 12, 5'-tattgtaccaattgcactcttcatttcctggtctagacaag-3'/SEQ ID NO: 13). The mutations were introduced into the M and HN genes in separate

vectors, but it is also possible to introduce all of the mutations into both M and HN genes by using a plasmid (LitmusSalI/NheIfrg-ΔFGFP) obtained by subcloning, at the SalI/NheI site of Litmus38, a fragment containing the M and HN genes (8931 bp), provided by digesting
 5 pSeV18+/ΔF-GFP with SalI/NheI. Successive introduction of mutations resulted in the introduction of six temperature-sensitive mutations in total; three mutations on the M gene, and three mutations on the HN gene (LitmusSalI/NheIfrg-MtsHNtsΔFGFP construction).

LitmusSalI/NheIfrg-MtsHNtsΔFGFP was digested with SalI/NheI
 10 and a 8931 bp fragment was recovered. Another fragment (8294 bp), lacking the M and HN genes and such, was recovered on digestion of pSeV18+/ΔF-GFP with SalI/NheI. Both fragments were ligated together to construct the F-deleted full-length Sendai virus genome cDNA (pSeV18+/MtsHNtsΔF-GFP) comprising the six temperature-sensitive
 15 mutations in the M and HN genes, and the EGFP gene at the site of the F deletion (Fig. 2).

Further, to quantify the expression level of genes in the plasmid, a cDNA containing the secretory alkaline phosphatase (SEAP) gene was also constructed. Specifically, NotI was used to cut out an SEAP
 20 fragment (1638 bp), comprising the termination signal-intervening sequence-initiation signal downstream of the SEAP gene (WO00/70070). This fragment was recovered and purified following electrophoresis. The fragment was then inserted into pSeV18+/ΔF-GFP and pSeV18+/MtsHNtsΔF-GFP at their respective NotI sites. The resulting
 25 plasmids were named pSeV18+SEAP/ΔF-GFP and pSeV18+SEAP/MtsHNtsΔF-GFP, respectively (Fig. 2).

[Example 2] Reconstitution and amplification of a virus in which temperature-sensitive mutations had been introduced

30 Viral reconstitution was performed according to the report by Li et al. (Li, H.-O. et al., J. Virology 74. 6564-6569 (2000); WO00/70070). Since F was deleted in the virus, F protein helper cells were utilized, prepared using an inducible Cre/loxP expression system. The system uses a pCALNdLw plasmid, designed for Cre DNA
 35 recombinase-mediated inducible gene product expression (Arai, T. et al., J. Virol. 72: 1115-1121 (1988)). In this system, the inserted

gene is expressed in a transformant carrying this plasmid, by using the method of Saito *et al.* to infect the transformant with a recombinant adenovirus (AxCANCre) expressing Cre DNA recombinase (Saito, I. *et al.*, Nucl. Acid. Res. 23, 3816-3821 (1995), Arai, T. *et al.*, J. Virol. 72, 1115-1121 (1998)). In the case of the SeV-F protein, the transformed cells comprising the F gene are herein referred to as LLC-MK2/F7, and cells persistently expressing the F protein after induction by AxCANCre are herein referred to as LLC-MK2/F7/A.

Reconstitution of the virus comprising the temperature-sensitive mutations was carried out as follows: LLC-MK2 cells were plated on to a 100-mm dish at 5×10^6 cells/dish, and then cultured for 24 hours. T7 polymerase-expressing recombinant vaccinia virus, which had been treated with psoralen and long-wavelength ultraviolet light (365 nm) for 20 minutes (PLWUV-VacT7: Fuerst, T.R. *et al.*, Proc. Natl. Acad. Sci. USA 83, 8122-8126 (1986)), was infected (MOI=2) to these cells at room temperature for one hour. The cells were washed with serum-free MEM. Plasmids, pSeV18+/MtsHNts Δ F-GFP, pGEM/NP, pGEM/P, pGEM/L and pGEM/F-HN (Kato, A. *et al.*, Genes Cells 1, 569-579 (1996)), were suspended in Opti-MEM (Gibco-BRL, Rockville, MD) at amounts of 12 μ g, 4 μ g, 2 μ g, 4 μ g and 4 μ g/dish, respectively. SuperFect transfection reagent (Qiagen, Bothell, WA) corresponding to 1 μ g DNA/5 μ l was added and mixed. The resulting mixture was allowed to stand at room temperature for 15 minutes, and then added to 3 ml of Opti-MEM containing 3% FBS. This mixture was added to the cells. After being cultured for five hours, the cells were washed twice with serum-free MEM, and cultured in MEM containing 40 μ g/ml cytosine β -D-arabinofuranoside (AraC: Sigma, St. Louis, MO) and 7.5 μ g/ml trypsin (Gibco-BRL, Rockville, MD). After 24 hours of culture, cells persistently expressing F protein (LLC-MK2/F7/A: Li, H.-O. *et al.*, J. Virology 74, 6564-6569 (2000), WO00/70070) were overlaid at 8.5×10^6 cells/dish. These cells were further cultured in MEM containing 40 μ g/mL AraC and 7.5 μ g/mL trypsin at 37°C for two days (P0). The cells were harvested and the pellet was suspended in 2 ml Opti-MEM per dish. Freeze-and-thaw treatment was repeated three times, and the lysate was directly transfected into LLC-MK2/F7/A. The cells were cultured in serum-free MEM containing 40 μ g/mL AraC and 7.5 μ g/mL trypsin at

32°C (P1). After five to seven days, part of the culture supernatant was infected into freshly prepared LLC-MK2/F7/A, and the cells were cultured in the same serum-free MEM containing 40 µg/mL AraC and 7.5 µg/mL trypsin at 32°C (P2). After three to five days, freshly prepared LLC-MK2/F7/A were infected again, and the cells were cultured in serum-free MEM containing only 7.5 µg/mL trypsin at 32°C for three to five days (P3). BSA was added to the recovered culture supernatant at a final concentration of 1%, and the mixture was stored at -80°C. The viral solution stored was thawed and used in subsequent experiments.

The titers of viral solutions prepared by this method were as follows: SeV18+/ΔF-GFP, 3×10^8 ; SeV18+/MtsHNtsΔF-GFP, 7×10^7 ; SeV18+SEAP/ΔF-GFP, 1.8×10^8 ; SeV18+SEAP/MtsHNtsΔF-GFP, 8.9×10^7 GFP-CIU/mL (GFP-CIU has been defined in WO00/70070). In determining SeV18+/ΔF-GFP and SeV18+/MtsHNtsΔF-GFP titers, the post-infection spread of plaques of cells persistently expressing F protein (LLC-MK2/F7/A) was observed at 32°C and 37°C. Fig. 3 shows photographs of patterns observed six days after infection. SeV18+/MtsHNtsΔF-GFP plaques spread to some extent at 32°C, but were greatly reduced at 37°C. This suggests that virion formation is reduced at 37°C.

[Example 3] Effect of culture temperature (32°C) on viral reconstitution

In the experimental reconstitution of viruses in which temperature-sensitive mutations had been introduced (Example 2), P1 and all subsequent cultures were carried out at 32°C. This temperature was used because the reference virus, used for assessing the introduction of temperature-sensitive mutations, grows well at 32°C (Kondo, T. *et al.*, J. Biol. Chem. 268: 21924-21930 (1993), Thompson, S.D. *et al.*, Virology 160: 1-8 (1987)). Close examination of the experimental conditions revealed that, for SeV reconstitution (and for other viruses in addition to those in which temperature-sensitive mutations had been introduced), reconstitution efficiency was improved by carrying out P1 and subsequent cultures at 32°C, giving a high possibility of recovering viruses that were previously difficult to obtain.

There are though to be two reasons for enhanced reconstitution efficiency at 32°C. The first point is that, when cultured at 32°C as opposed to 37°C, cytotoxicity due to AraC, which is supplemented to inhibit vaccinia virus amplification, is thought to be suppressed.

5 Under conditions for viral reconstitution, culturing LLC-MK2/F7/A cells at 37°C, in serum-free MEM containing 40 µg/ml of AraC and 7.5 µg/ml of trypsin, caused cell damage after three to four days, including an increase in detached cells. However, cultures at 32°C could be sufficiently continued for seven to ten days with cells still
10 intact. When reconstituting SeV with inefficient transcription and/or replication, or with inefficient formation of infectious virions, success is thought to be a direct reflection of culture duration. The second point is that F protein expression is maintained in LLC-MK2/F7/A cells when the cells are cultured at 32°C. After
15 culturing LLC-MK2/F7/A cells that continuously express F protein to confluency on 6-well culture plates in MEM containing 10% FBS and at 37°C, the medium was replaced with a serum-free MEM containing 7.5 µg/ml of trypsin, and the cells were further cultured at 32°C or 37°C. Cells were recovered over time using a cell scraper, and
20 Western-blotting using an anti-F protein antibody (mouse monoclonal) was used to semi-quantitatively analyze intra-cellular F protein. F protein expression was maintained for two days at 37°C, and then decreased. However, at 32°C expression was maintained for at least eight days (Fig. 4). These results confirm the validity of viral
25 reconstitution at 32°C (after P1 stage).

The above-described Western-blotting was carried out using the following method: Cells recovered from one well of a 6-well plate were stored at -80°C, then thawed in 100 µl of 1x diluted sample buffer for SDS-PAGE (Red Loading Buffer Pack; New England Biolabs, Beverly,
30 MA). Samples were then heated at 98°C for ten minutes, centrifuged, and a 10-µl aliquot of the supernatant was loaded on to SDS-PAGE gel (multigel 10/20; Daiichi Pure Chemicals Co., Ltd., Tokyo, Japan). After electrophoresis at 15 mA for 2.5 hours, proteins were transferred on to a PVDF membrane (Immobilon PVDF transfer membrane; Millipore,
35 Bedford, MA) using semi-dry method at 100 mA for one hour. The transfer membrane was immersed in a blocking solution (Block Ace; Snow Brand

Milk Products Co., Ltd., Sapporo, Japan) at 4°C for one hour or more, soaked in a primary antibody solution containing 10% Block Ace supplemented with 1/1000 volume of the anti-F protein antibody, and then allowed to stand at 4°C overnight. After washing three times
 5 with TBS containing 0.05% Tween 20 (TBST), and a further three times with TBS, the membrane was immersed in a secondary antibody solution containing 10% Block Ace supplemented with 1/5000 volume of the anti-mouse IgG + IgM antibody bound with HRP (Goat F(ab')₂ Anti-Mouse IgG + IgM, HRP; BioSource Int., Camarillo, CA). Samples were then
 10 stirred at room temperature for one hour. The membrane was washed three times with TBST, and three times with TBS, and proteins on the membrane were then detected using the chemiluminescence method (ECL western blotting detection reagents; Amersham Pharmacia biotech, Uppsala, Sweden).

15 [Example 4] Quantification of secondarily released particles from temperature sensitive mutation-introduced viruses (HA assay, Western-Blotting)

Levels of secondarily released particles were compared,
 20 together with SeV18+/ΔF-GFP and SeV18+/MtsHNtsΔF-GFP, using the autonomously replicating type SeV, that comprises all of the viral proteins and the GFP fragment (780 bp) which comprises the termination signal-intervening sequence-initiation signal downstream of the GFP gene at the NotI site (SeV18+GFP: Fig. 2).

25 LLC-MK2 cells were grown to confluency on 6-well plates. To these cells were added 3×10^7 CIU/ml of each virus solution at 100 μl per well (MOI=3), and the cells were infected for one hour. After washing the cells with MEM, serum-free MEM (1 ml) was added to each well, and the cells were cultured at 32°C, 37°C and 38°C, respectively.
 30 Sampling was carried out every day, and immediately after sampling, 1 ml of fresh serum-free MEM was added to the remaining cells. Culturing and sampling were performed over time. Three days after infection, observation of GFP expression under a fluorescence microscope indicated that infection levels were almost equal for the
 35 three types of virus for all temperature conditions (32°C, 37°C and 38°C), and that GFP expression was similar (Fig. 5).

Secondarily released particles were quantified using an assay of hemagglutination activity (HA activity), performed according to the method of Kato *et al.* (Kato, A., *et al.*, Genes Cell 1, 569-579 (1996)). Specifically, round-bottomed 96 well-plates were used for the serial dilution of the viral solution with PBS. Serial two-fold 50 μ l dilutions were carried out in each well. 50 μ l of preserved chicken blood (Cosmo Bio, Tokyo, Japan), diluted to 1% with PBS, was added to 50 μ l of the viral solution, and the mixture was allowed to stand at 4°C for one hour. Erythrocyte agglutination was then examined. The highest virus dilution rate among the agglutinated samples was judged to be the HA activity. In addition, one hemagglutination unit (HAU) was calculated to be 1×10^6 viruses, and expressed as a number of viruses (Fig. 6). The secondarily released particles of SeV18+/MtsHNts Δ F-GFP remarkably decreased, and at 37°C, was judged to be about 1/10 the level of SeV18+/ Δ F-GFP. SeV18+/MtsHNts Δ F-GFP viral particle formation was also reduced at 32°C, and although only a few particles were produced, a certain degree of production was still thought possible.

Western-Blotting was used to quantify secondarily released particles. In a manner similar to that described above, LLC-MK2 cells were infected at MOI=3 with the virus, and the culture supernatant and cells were recovered two days after infection. The culture supernatant was centrifuged at 48,000 g for 45 minutes to recover the viral proteins. After SDS-PAGE, Western-Blotting was performed to detect these proteins using an anti-M protein antibody. This anti-M protein antibody is a newly prepared polyclonal antibody, prepared from the serum of rabbits immunized with a mixture of three synthetic peptides: corresponding to amino acids 1-13 (MADIYRFPKFSYE+Cys/SEQ ID NO: 14), 23-35 (LRTGPDKKAIPH+Cys/SEQ ID NO: 15), and 336-348 (Cys+NVVAKNIGRIRKL/SEQ ID NO: 16) of the SeV M protein. Western-Blotting was performed according to the method described in Example 3, in which the primary antibody, anti-M protein antibody, was used at a 1/4000 dilution, and the secondary antibody, anti-rabbit IgG antibody bound with HRP (Anti-rabbit IgG (Goat) H+L conj.; ICN P., Aurola, OH), was used at a 1/5000 dilution. In the case of SeV18+/MtsHNts Δ F-GFP infected cells, M proteins were widely expressed

to a similar degree, but viral proteins were reduced (Fig. 7). Western-blotting also confirmed a decrease in secondarily released viral particles.

5 [Example 5] The expression level of genes comprised by the virus in which the temperature-sensitive mutations have been introduced (SEAP assay)

SeV18+/MtsHNts Δ F-GFP secondary particle release was reduced. However, such a modification would be meaningless in a gene expression
 10 vector if accompanied with a simultaneous decrease in comprised gene expression. Thus, gene expression level was evaluated. LLC-MK2 cells were infected with SeV18+SEAP/ Δ F-GFP or SeV18+SEAP/MtsHNts Δ F-GFP at MOI=3, and culture supernatant was collected over time (12, 18, 24, 50 and 120 hours after infection).
 15 SEAP activity in the supernatant was assayed using a Reporter Assay Kit-SEAP (TOYOBO, Osaka, Japan) according to kit method. SEAP activity was comparable for both types (Fig. 8). The same samples were also assayed for hemagglutination activity (HA activity). The HA activity of SeV18+SEAP/MtsHNts Δ F-GFP was reduced to about one tenth
 20 (Fig. 9). Viral proteins were harvested from viruses in the samples by centrifugation at 48,000 g for 45 minutes, and then semi-quantitatively analyzed by Western-Blotting using an anti-M antibody. The level of viral protein in the supernatant was also reduced (Fig. 10). These findings indicate that the introduction of
 25 temperature-sensitive mutations reduced the level of secondary particle release to about 1/10, with virtually no reduction in the expression of comprised genes.

[Example 6] Cytotoxicity of viruses in which temperature-sensitive
 30 mutations have been introduced (LDH assay)

SeV infection is often cytotoxic. The influence of introduced mutations was thus examined from this respect. LLC-MK2, BEAS-2B and CV-1 cells were each plated on a 96-well plate at 2.5×10^4 cells/well (100 μ L/well), and then cultured. LLC-MK2 and CV-1 were cultured in
 35 MEM containing 10% FBS, and BEAS-2B was cultured in a 1:1 mixed medium of D-MEM and RPMI (Gibco-BRL, Rockville, MD) containing 10% FBS. After

24 hours of culture, virus infection was carried out by adding 5 μ L/well of a solution of SeV18+/ Δ F-GFP or SeV18+/MtsHNts Δ F-GFP diluted with MEM containing 1% BSA. After six hours, the medium containing the viral solution was removed, and replaced with the corresponding fresh medium, with or without 10% FBS. The culture supernatant was sampled three days after infection when FBS-free medium was used, or six days after infection when medium containing FBS was used. Cytotoxicity was analyzed using a Cytotoxicity Detection Kit (Roche, Basel, Switzerland) according to kit instructions. Neither of the viral vectors was cytotoxic in LLC-MK2. Further, SeV18+/MtsHNts Δ F-GFP cytotoxicity was assessed as being comparable to or lower than that of SeV18+/ Δ F-GFP in CV-1 and BEAS-2B (Fig. 11). Thus, it was concluded that cytotoxicity was not induced by suppressing secondary particle release by the introduction of temperature-sensitive mutations.

[Example 7] Study of the mechanism of secondary particle release suppression

In order to elucidate part of the mechanism underlying the suppression of secondary particle release by the introduction of temperature-sensitive mutations, the subcellular localization of M protein was examined. LLC-MK2 cells were infected with each type of SeV (SeV18+GFP, SeV18+/ Δ F-GFP, SeV18+/MtsHNts Δ F-GFP), and cultured at 32°C, 37°C or 38°C for two days. The cells were immunostained by using an anti-M antibody. Immunostaining was performed as follows: The cultured cells were washed once with PBS, methanol cooled to -20°C was added, and the cells were fixed at 4°C for 15 minutes. After washing the cells three times with PBS, blocking was carried out at room temperature for one hour using PBS solution containing 2% goat serum and 0.1% Triton. After washing with PBS a further three times, the cells were reacted with a primary antibody solution (10 μ g/mL anti-M antibody) containing 2% goat serum at 37°C for 30 minutes. After washing three times with PBS, the cells were reacted with a secondary antibody solution (10 μ g/mL Alexa Fluor 488 goat anti-rabbit IgG(H+L) conjugate: Molecular Probes, Eugene, OR) containing 2% goat serum at 37°C for 15 minutes. Finally, after a further three washes with PBS, the cells were observed under a fluorescence microscope.

In the case of the self-replicating SeV18+GFP comprising both F and HN proteins, condensed M protein was detectable on cell surfaces at all of the temperatures tested (Fig. 12). Such M protein condensation has been previously reported (Yoshida, T. *et al.*, Virology 71: 143-161 (1976)), and is assumed to reflect the site of virion formation. Specifically, in the case of SeV18+GFP, cell-surface M protein localization appeared to be normal at all temperatures, suggesting that a sufficient amount of virions were formed. On the other hand, in the case of SeV18+ Δ F-GFP, M protein condensation was greatly reduced at 38°C. M protein is believed to localize on cell surfaces, binding to both F and HN protein cytoplasmic tails (Sanderson, C.M. *et al.*, J. Virology 68: 69-76 (1994), Ali, A. *et al.*, Virology 276: 289-303 (2000)). Because one of these two proteins, namely the F protein, is deleted in SeV18+ Δ F-GFP, F protein deficiency is assumed to have an impact on M protein localization. This impact was expected to be stronger for SeV18+/MtsHNts Δ F-GFP, and it was also expected that, even at 37°C, M protein localization would be disturbed and the number of particles in the secondary release would be reduced.

[Example 8] Study of the suppression mechanism of secondary particle release (2)

In order to study the SeV protein's subcellular localization in more detail, analyses were carried out using a confocal laser microscope (MRC1024; Bio-Rad Laboratories Inc., Hercules, CA). A-10 cells (rat myoblasts) were infected with each of SeV18+SEAP/ Δ F-GFP and SeV18+SEAP/MtsHNts Δ F-GFP (MOI=1), and then cultured in MEM containing 10% serum at 32°C or 37°C. One or two days later, the cells were immunostained using anti-M antibody and anti-HN antibody. Immunostaining was performed as follows: The infected culture cells were washed once with PBS. Methanol cooled to -20°C was added to the cells, and the cells were fixed at 4°C for 15 minutes. The cells were washed three times with PBS, and blocking was then carried out for one hour at room temperature, using PBS solution containing 2% goat serum, 1% BSA and 0.1% Triton. The cells were reacted with M primary antibody solution (10 μ g/mL anti-M antibody) containing 2% goat serum at 37°C for 30 minutes. The cells were then reacted with HN primary

antibody solution (1 $\mu\text{g/mL}$ anti-HN antibody (IL4-1)) at 37°C for 30 minutes. After washing three times with PBS, the cells were reacted with a secondary antibody solution (10 $\mu\text{g/mL}$ Alexa Fluor 568 goat anti-rabbit IgG(H+L) conjugate and 10 $\mu\text{g/mL}$ Alexa Fluor 488 goat anti-mouse IgG(H+L) conjugate: Molecular Probes, Eugene, OR) containing 2% goat serum at 37°C for 15 minutes. The cells were washed three times with PBS and The nuclei were stained with TO_PRO3 (Molecular Probes, Eugene, OR) diluted 4000 times. The cells were allowed to stand at room temperature for 15 minutes. Finally, to prevent quenching, a Slow Fade Antifade Kit solution (Molecular Probes, Eugene, OR) was substituted for the liquid, and the cells were observed under a confocal laser microscope. Fig. 13 shows the results one day after infection. Red represents M protein localization; green, HN protein localization; and yellow, co-localization of the two. Far red has been subjected to color conversion, and thus blue represents the nucleus. In the case of SeV18+SEAP/ Δ F-GFP, each protein's localization pattern did not differ largely between 32°C and 37°C, and cell-surface localization of M protein and HN protein was observed. On the other hand, localization of each protein for SeV18+SEAP/MtsHNts Δ F-GFP was different at both temperatures from that for SeV18+SEAP/ Δ F-GFP, and hardly any M protein was localized on the cell surface. At 37°C in particular, the M protein and HN protein were almost completely separated, such that the M protein was localized at sites presumed to be close to the central body of microtubules (i.e., near the Golgi body). A similar result was obtained for cells cultured two days after infection. Particularly in SeV18+SEAP/MtsHNts Δ F-GFP-infected cells, subcellular M protein localization did not change between one day and two days after infection (Fig. 14), and protein transport appeared to have stopped. This result also showed that the reduced secondary particle release of viruses in which temperature-sensitive mutations had been introduced was caused by a deficiency in localization of the M protein, which is expected to play a central role in particle formation.

When the cells were cultured at 32°C after infection with SeV18+SEAP/MtsHNts Δ F-GFP, the M protein stained in a morphology similar to that of a microtubule (Fig. 13). To show the involvement

of microtubules, a reagent that enhances microtubule depolymerization was added, and changes in M protein (and HN protein) localization were then studied. A-10 cells were infected with SeV18+SEAP/MtsHNts Δ F-GFP at MOI=1, and a depolymerization reagent, colchicine (Nakarai Tesque, Kyoto, Japan) or colcemid (Nakarai Tesque, Kyoto, Japan), was immediately added at a final concentration of 1 mM. The cells were then cultured at 32°C. Two days after infection, the subcellular localizations of the M and HN proteins were observed by the same method as described above. In the absence of the depolymerization reagent, M protein distribution was similar in morphology to a microtubule (Fig. 13). However, addition of the depolymerization reagent resulted in disruption of this structure, and M protein was detected as a large fibrous structure (Fig. 15). This structure may be an aggregate of M protein by itself, or M protein bound to the residues of depolymerized microtubules. In either case, as seen in Fig. 13, it was plausibly judged that M protein was localized in microtubules in cells cultured at 32°C after infection with SeV18+SEAP/MtsHNts Δ F-GFP.

In order to clarify whether or not the above-mentioned localization of M protein in microtubules was characteristic of temperature-sensitive viruses, the post-infection influence of the microtubule depolymerization reagent (colchicine) on changes to M protein (and HN protein) localization was evaluated for both viruses SeV18+/ Δ F-GFP and SeV18+/MtsHNts Δ F-GFP. A-10 cells were infected with SeV18+/ Δ F-GFP or SeV18+/MtsHNts Δ F-GFP at MOI=1, and the depolymerization reagent colchicine was immediately added at a final concentration of 1 μ M. The cells were cultured at 32°C or 37°C. Two days after infection, the subcellular localization of M protein (and HN protein) was observed using the same method as described above. The results are shown in Fig. 16. Infected cells exhibited similar features for both viruses. Specifically, when the cells were cultured at 32°C after infection, M protein was observed as a large fibrous structure, similar to that in Fig. 15. M protein's coexistence with microtubules was also suggested for SeV18+/ Δ F-GFP. In particular, in cells infected with SeV18+/MtsHNts Δ F-GFP and cultured at 37°C, M protein was observed to be localized in areas supposed to be near

the Golgi body.

Based on the above results, the following can be inferred: M protein is synthesized near the Golgi body; it is transported around the cell along microtubules (for example, bound to a motor protein such as kinesin), mainly bound to the cytoplasmic tails of F and HN proteins (Sanderson, C.M. *et al.*, *J. Virology* 68: 69-76 (1994); Ali, A. *et al.*, *Virology* 276: 289-303 (2000)); and the M protein is localized on the cell surface, followed by particle formation. In viruses comprising a temperature-sensitive mutation, everything up to the point of intracellular transport along microtubules may be normal at 32°C. However, translocation from microtubules to the cell surface may be hindered, resulting in localization along microtubules. At 37°C it can be assumed that even intracellular transport along microtubules may be hindered, and thus, localization in the vicinity of the Golgi body is observed. M protein synthesis is supposed to take place near the Golgi body. However, it is possible that M protein aggregation is observed at these sites, and that the area of synthesis itself is elsewhere. However, it has been reported that tubulin, a microtubule component, activates and is involved in SeV transcription and replication (Moyer, S.A. *et al.*, *Proc. Natl. Acad. Sci. U.S.A.* 83: 5405-5409 (1986); and Ogino, T. *et al.*, *J. Biol. Chem.* 274: 35999-36008 (1999)). Moreover, as the Golgi body is located near the central body, where tubulin is predicted to exist in abundance, the Golgi body can be synthesized close to the microtubule central body (i.e., near the Golgi body). In addition, although the SeV mutant strain, F1-R, comprises a mutation in its M gene, it modifies microtubules after infecting cells, and this modification may enable particle formation independent of F1-R strain cell polarity (Tashiro, M. *et al.*, *J. Virol.* 67, 5902-5910 (1993)). In other words, the results obtained in the present Example may also be interpreted by assuming the intracellular transport of M protein along tubulin. In this supposed mechanism, introduction of temperature-sensitive mutations to the M and HN genes may result in deficient subcellular M protein localization, resulting in a reduction in secondary particle release.

35

[Example 9] Construction of genome cDNA of F-deficient SeV comprising

introduced mutations in the P and L genes

To suppress secondary particle release (and reduce cytotoxicity) by further introduction of mutations to the F-deficient SeV vector, modifications were made based on a gene structure identified in a SeV with maintained infectivity (Bossow, S. *et al.*, Negative Strand Viruses. p. 157 (2000)). The actual design was carried out in the following two patterns: Each pattern was identified by the analysis of the above SeV with maintained infectivity. Mutations were introduced at one site in the P gene (different for the two patterns) and at two sites in the L gene (the same for both patterns). Specifically, the two patterns were P(E86K) and L(N1197S/K1795E); and P(L511F) and L(N1197S/K1795E). The mutant strains identified as comprising these mutations have been reported as having decreased transcription activity (1/4 to 1/8 of a control) and decreased replication activity (1/2 to 1/3 of a control), and virus release is also reported to be reduced (to about 1%) (Bossow, S. *et al.*, Negative Strand Viruses. p. 157 (2000)).

The scheme of mutation introduction is shown in Fig. 17. SalI and NheI were used to digest the full-length genome cDNA of the F-deficient Sendai virus comprising the GFP gene at the F-deficient site (pSeV18+/ΔF-GFP; Li, H.-O. *et al.*, J. Virology 74: 6564-6569 (2000); WO00/70070). The NP gene-comprising fragment (8294 bp) was recovered, and a multicloning site was introduced using synthetic oligo DNAs (pSeV/ΔSalINheIfrg-MCS construction). The synthetic oligonucleotide sequences used to introduce the multicloning site were 5'-tcgacaccaggtattttaattaattaatcgcgag-3' (SEQ ID NO: 17) and 5'-ctagctcgcgattaattaattttaataacctggtg-3' (SEQ ID NO: 18). Mutations were introduced to the L gene using the constructed pSeV/ΔSalINheIfrg-MCS. Introduction was carried out according to mutagenesis kit instructions (QuikChange™ Site-Directed Mutagenesis Kit (Stratagene, La Jolla, CA)). The synthetic oligonucleotide sequences used to introduce mutation N1197S in the L gene were 5'-gttctatcttctgacTCtatagacctggacacgcttac-3' (SEQ ID NO: 19) and 5'-gtaagcgtgtccaggtctataGAgtcaggaagatagaac-3' (SEQ ID NO: 20). The synthetic oligonucleotide sequences used to introduce mutation K1795E were 5'-ctacctattgagccccttagttgacGaAgataaagataggcta-3' (SEQ ID NO:

21) and 5'-tagcctatctttatcTtCgtcaactaaggggctcaataggtag-3' (SEQ ID NO: 22). The introduction of a mutation to the P gene was carried out using LitmusSalI/NheIfrg Δ F-GFP, prepared by ligating the P gene-comprising fragment (8931 bp), obtained by the digestion of pSeV18+/ Δ F-GFP by SalI/NheI, to the same Litmus98 site. The synthetic oligonucleotide sequences used to introduce mutation E86K in the P gene were 5'-caagataatcgatcaggtAaAgagagtagagtctctctgggag-3' (SEQ ID NO: 23) and 5'-ctcccagagactctactctcTtTacctgatcgattatcttg-3' (SEQ ID NO: 24). The synthetic oligonucleotide sequences used to introduce mutation L511F were 5'-ctcaaacgcatcacgtctcTtTccctccaaagagaagc-3' (SEQ ID NO: 25) and 5'-gcttctctttggagggAaAgagacgtgatgcgtttgag-3' (SEQ ID NO: 26). After the introduction of these mutations, the following fragments were ligated: the 8294 bp fragment obtained by digesting the plasmids comprising a single P gene mutation (LitmusSalI/NheIfrg Δ F-GFP) with SalI/NheI; and the L gene-comprising fragment (8931 bp) obtained by digesting the plasmids comprising two L gene mutations (pSeV/ Δ SalINheIfrg-MCS) with SalI/NheI. Then, pSeV18+/P86Lmut- Δ F-GFP (which comprises mutation E86K in the P gene and N1197S/K1795E in the L gene) and pSeV18+/P511Lmut- Δ F-GFP (which comprises mutation L511F in the P gene and N1197S/K1795E in the L gene) were constructed. These are collectively called pSeV18+/PLmut- Δ F-GFP.

Furthermore, to quantify the expression level of the comprised genes, the present inventors constructed a cDNA comprising the secretory alkaline phosphatase (SEAP) gene. Specifically, NotI was used to cut out an SEAP fragment (1638 bp) that comprises a termination signal-intervening sequence-initiation signal downstream of the SEAP gene (WO00/70070). The fragment was incorporated into pSeV18+/P86Lmut- Δ F-GFP and pSeV18+/P511Lmut- Δ F-GFP at the NotI site on the 18th nucleotide, creating pSeV18+SEAP/P86Lmut- Δ F-GFP and pSeV18+SEAP/P511Lmut- Δ F-GFP, respectively.

[Example 10] Re-constitution and amplification of the F-deficient SeV that incorporates the SeV sequence for continuous infectivity in P/L.

Re-constitution of the virus was carried out according to the

method described by Li *et al.* (Li, H.-O. *et al.*, J. Virology 74: 6564-6569 (2000), WO00/70070). Specifically, the same procedure as that described in Example 2 of this specification was carried out. Viral solution titers prepared in this method were 4.0×10^8 GFP-CIU/ml for SeV18+/P86Lmut- Δ F-GFP; 2.8×10^8 GFP-CIU/ml for SeV18+/P511Lmut- Δ F-GFP; 3.7×10^8 GFP-CIU/ml for SeV18+SEAP/P86Lmut- Δ F-GFP; and 2.0×10^8 GFP-CIU/ml for SeV18+SEAP/P511Lmut- Δ F-GFP. (GFP-CIU is defined in WO00/70070.)

10 [Example 11] Quantification of secondarily released particles from the F-deficient SeV that incorporates the SeV sequence for continuous infectivity in P/L

Secondarily released particles were quantified by measuring HA activity using culture supernatant from infected cells. For purposes of comparison, SeV18+/ Δ F-GFP secondarily released particles were also measured at the same time. The details of this experiment are described in Example 4 above. Briefly, 100 μ l of 1×10^7 CIU/ml (MOI=1) or 5×10^7 CIU/ml (MOI=5) of each viral solution was added to each well of LLC-MK2 cells grown confluent on 6-well plates. Cells were then infected for one hour. The cells were washed with MEM, 1 ml of serum-free MEM was added to each well, and the cells were then cultured at 37°C. Sampling was carried out every day. Immediately after sampling, 1 ml of fresh serum-free MEM was added to each sample. Culturing and sampling were conducted at certain time intervals.

25 HA activity was measured according to the method of Kato *et al.* (Kato, A. *et al.*, Genes Cell 1, 569-579 (1996)). Thus, PBS was used to make serial two-fold 50 μ l dilutions of the viral solution, for each well of a round-bottomed 96 well-plate. 50 μ l of this solution was combined with 50 μ l of preserved chicken blood (Cosmo Bio Co. Ltd., Tokyo, Japan) diluted to 1% with PBS, and then allowed to stand at 4°C for one hour. Erythrocyte agglutination was examined, and HA activity was judged to be the highest dilution rate achieving hemagglutination among the agglutinated samples.

35 In both infections with MOI=1 and MOI=5, the levels of secondarily released particles were slightly reduced in cells infected with a vector that incorporates the SeV sequence for

continuous infectivity in P and L (Fig. 18). Thus, transducing the mutation into P and L is considered to result in a slight reduction in the formation of secondarily released particles. However, the degree of inhibition was not very significant. Characteristically, the level of secondarily released particles was gradually reduced in the SeV18+/ΔF-GFP-infected cells at a later stage of the infection, while such a reduction was virtually absent in the SeV18+/P86Lmut. ΔF-GFP- and SeV18+/P511Lmut.ΔF-GFP-infected cells. These findings show that transducing the mutation into P and L reduces cytotoxicity, allowing the SeV vector to be transcribed and replicated even late in infection, thereby maintaining the formation of secondarily released particles.

[Example 12] Cytotoxicity of the F-deficient SeV that incorporates the SeV sequence for continuous infectivity in P/L

Notable SeV infection-dependent cytotoxicity can be observed in CV-1 cells, and was evaluated by utilizing these cells. F-deficient SeV without transduced mutations in P/L (SeV18+/ΔF-GFP) was employed as a control. The experimental method is detailed in Example 6. Briefly, CV-1 cells were inoculated into a 96-well plate at a density of 2.5×10^4 cells/well (100 μL/well), and then cultured. MEM supplemented with 10% FBS was used for the culture. After culturing for 24 hours, an SeV18+/ΔF-GFP, SeV18+/P86Lmut. ΔF-GFP or SeV18+/P511Lmut.ΔF-GFP solution diluted with a 1% BSA-supplemented MEM was added in a volume of 5 μL/well to affect infection. Six hours later, the viral solution-comprising medium was removed, and replaced with FBS-free MEM medium. Three days after infection, the culture supernatant was sampled, and subjected to quantification using a Cytotoxicity Detection Kit (Roche, Basel, Switzerland) according to kit instructions. SeV18+/P86Lmut.ΔF-GFP and SeV18+/P511Lmut.ΔF-GFP each exhibited a marked reduction in cytotoxicity compared to SeV18+/ΔF-GFP (Fig. 19).

In the same experiment, GFP-positive cells were counted at certain time intervals. The number of positive cells was maintained in the CV-1 cells infected with each of the two vectors incorporating the SeV sequence for continuous infectivity in P and L (Fig. 20).

CV-1 cells were susceptible to SeV infection-dependent cytotoxicity, and the infected cells readily peeled off. Cells infected with a vector which incorporated the SeV sequence for continuous infectivity in P and L, were satisfactorily maintained, strongly supporting the suggestion that these vectors reduce cytotoxicity.

Fig. 21 shows fluorescence microscope photographs of the same infected (MOI=10) CV-1 cells, three and six days after infection. The number of cells infected with a vector incorporating the SeV sequence for continuous infectivity in P and L was large, and satisfactory conditions could also be verified visually. The proliferation of SeV18+/P511Lmut. Δ F-GFP-infected CV-1 cells was especially evident. These findings demonstrate that transducing the SeV sequence for continuous infectivity into P and L can potentially reduce SeV infection-dependent cytotoxicity.

[Example 13] Quantification of the expression of genes carried on the F-deficient SeV incorporating the SeV sequence for continuous infectivity in P/L

The ability of SeV18+/P86Lmut. Δ F-GFP and SeV18+/P511Lmut. Δ F-GFP to reduce secondarily released particles and to reduce cytotoxicity may be attributable to reductions in transcription and replication in the initially identified mutant (reported reductions of 1/4 to 1/8, and 1/2 to 1/3 respectively: Bossow, S. *et al.*, Negative Strand Viruses 2000, p.157). Thus, reduced transcription and replication may, at the same time, lead to reduced expression of a comprised gene. Such a reduction, if large, may result in the loss of an advantageous property of the SeV vector. Accordingly, the SeV vector incorporating the SeV sequence for continuous infectivity in P/L was also transduced with an SEAP gene at the +18 position, and the SEAP expression level in infected cells was measured over time.

The experimental method is detailed in Example 5. Briefly, LLC-MK2 cells were infected with an SeV18+SEAP/ Δ F-GFP, SeV18+SEAP/P86Lmut. Δ F-GFP or SeV18+SEAP/P511Lmut. Δ F-GFP at MOI=10, and the culture supernatant was sequentially sampled (every 24 hours). SEAP activity was measured using a Reporter Assay Kit-SEAP (Toyobo Co., Ltd., Osaka, Japan) according to kit instructions. SEAP activity

levels in all vectors were virtually the same (Fig. 22). Thus, there was virtually no reduction in expression level, even when using a vector incorporating the SeV sequence for continuous infectivity in P/L.

5 Each vector comprising an SEAP gene was also subjected to quantification of secondarily released particles from infected cells, and, as an index of cytotoxicity, quantification of LDH in the comprised cell culture supernatant. The effect of the installed SEAP gene was strongly reflected in the level of secondarily released
10 particles. Specifically, this level was reduced to about 1/10 in both vectors incorporating the SeV sequence for continuous infectivity in P/L (Fig. 23). Transducing mutations into P/L was judged to reflect better results. Reduction in cytotoxicity was similarly observed in both transduction of the SeV sequence for continuous infectivity into
15 P/L, and in vectors without the SEAP gene (Fig. 24).

[Example 14] Construction of an F-deficient SeV genome cDNA comprising both a temperature sensitive mutation and a P/L mutation

By combining the transduction of a temperature sensitive
20 mutation into the M protein and HN protein, with the transduction of an SeV-derived continuous infectivity sequence into the P protein and L protein, the combined effect of reduction of secondarily released particles (and of cytotoxicity) may be greater than for each mutation acting alone. Accordingly, two F-deficient SeV vectors (Fig. 25:
25 SeV18+/MtsHNtsP86Lmut.ΔF-GFP, SeV18+/MtsHNtsP511Lmut.ΔF-GFP) were constructed. These vectors comprised nine mutations in total, consisting of six temperature sensitive mutations (M: G69E, T116A and A183S; and HN: A262T, G264R and K461G) and three SeV-derived continuous infectivity mutations (P: E86K or L511F; and L: N1197S
30 and K1795E).

The mutation transduction scheme is shown in Fig. 26. F-deficient Sendai virus vector genome cDNA comprising temperature sensitive mutation (pSeV18+/MtsHNts ΔF-GFP: see, Example 1) was digested with SalI and NheI, and ligated to the P gene-comprising
35 fragment (8931 bp) at the same site as Litmus38. This yielded LitmusSalI/NheIfrg MtsHNts . ΔF-GFP, which was then employed.

According to the method described in Example 1, the transduction of E86K mutation into the P gene employed the synthetic oligonucleotides comprising the sequences:

5'-caagataatcgatcaggtAaAgagagtagagtctctgggag-3'/SEQ ID No: 23; and

5'-ctcccagagactctactctcTtTacctgatcgattatcttg-3'/SEQ ID No: 24. The

L511F mutation transduction employed the synthetic oligonucleotides comprising the sequences:

5'-ctcaaacgcacgtctcTtTccctccaaagagaagc-3'/SEQ ID No: 25; and

5'-gcttctctttggagggAaAgagacgtgatgcgtttgag-3'/SEQ ID No: 26. After

transducing these mutations, the plasmids (LitmusSalI/NheIfrg MtsHNts Δ F-GFP), each comprising one mutation in the P gene, were digested with SalI/NheI. The resultant 8294 bp fragment was ligated to the L gene-carrying fragment (8931 bp), which was recovered by SalI/NheI digestion of the plasmid comprising two mutations in the

L gene (pSeV/ Δ SalINheIfrg-MCS), constructed in Example 1. Finally, pSeV18+/MtsHNtsP86Lmut. Δ F-GFP (comprising the temperature sensitive mutation, and the mutations P(E86K) and L(N1197S/K1795E)) and pSeV18+/MtsHNtsP511Lmut. Δ F-GFP (comprising the temperature sensitive mutation and the mutations P(L511F) and L(N1197S/K1795E)) (commonly designated as pSeV18+/MtsHNtsPLmut Δ F-GFP) were constructed.

A cDNA comprising the SEAP gene was constructed to measure the expression level of comprised genes. Specifically, NotI was used to cut out an 1638 bp SEAP fragment comprising a termination signal-intervening sequence-initiation signal downstream of the SEAP gene (WO00/70070). This fragment was integrated into the NotI site at the +18 position of pSeV18+/MtsHNts P86Lmut Δ F-GFP and pSeV18+/MtsHNts P511Lmut. Δ F-GFP, which were then designated as pSeV18+SEAP/MtsHNts P86Lmut. Δ F-GFP and pSeV18+SEAP/MtsHNts P511Lmut. Δ F-GFP, respectively.

30

[Example 15] Reconstruction and amplification of F-deficient SeV comprising both temperature resistant mutation and P/L mutation

The virus was reconstructed in accordance with the method reported by Li *et al.* (Li, H.-O. *et al.*, J. Virology 74, 6564-6569 (2000), WO00/70070), the details of which are found in Example 2 of this specification. The titers of the respective viral solutions

35

prepared by this method were as follows: 8.6×10^8 GFP-CIU/mL for SeV18+/MtsHNts P86Lmut. Δ F-GFP; 4.2×10^8 GFP-CIU/mL for SeV18+/MtsHNts P511Lmut. Δ F-GFP; 1.7×10^8 GFP-CIU/mL for SeV18+SEAP/MtsHNts P86Lmut. Δ F-GFP; and 1.7×10^8 GFP-CIU/mL for SeV18+SEAP/MtsHNts P511Lmut. Δ F-GFP (GFP-CIU is defined as described in WO00/70070).

[Example 16] Quantification of secondarily released particles from F-deficient SeV comprising both temperature resistant mutation and P/L mutation

Secondarily released particles were quantified by measuring HA activity using the culture supernatant of infected cells. Measurements for SeV18+/ Δ F-GFP were also conducted at the same time. Experimental method is detailed in Example 4 and Example 11 above. Briefly, 1×10^7 CIU/ml or 3×10^7 CIU/ml of each viral solution was added (100 μ l/well) to LLC-MK2 cells grown to confluency on 6-well plates (each MOI=1 or MOI=3). Cells were then infected for one hour. The cells were washed with MEM and combined with 1 ml of serum-free MEM per well, and then cultured at 37°C. Sampling was carried out every day, and immediately after sampling, 1 ml of fresh serum-free MEM was added to the sample. Culturing and sampling were conducted over time.

HA activity was measured according to the method of Kato et al. (Kato, A., et al., Genes Cell 1, 569-579 (1996)). Thus, the viral solution was serially diluted with PBS, making serial two-fold 50 μ l dilutions for each well of a 96-well round-bottomed plate. 50 μ l of this solution was combined with 50 μ l of preserved chicken blood diluted to 1% with a PBS (Cosmo Bio Co. Ltd., Tokyo, Japan), and allowed to stand at 4°C for one hour. Erythrocyte agglutination was examined, and, among agglutinated samples, HA activity was judged to be the highest dilution rate to achieve hemagglutination.

When compared with cells infected with a non-mutant F-deficient SeV (SeV18+/ Δ F-GFP), for both MOI=1 and MOI=3, secondarily released particle levels were reduced in cells infected with the F-deficient SeV vector comprising both the temperature resistant mutation and the P/L mutation (Fig. 27). Secondarily released particles were especially reduced in SeV18+/MtsHNts P511Lmut. Δ F-GFP compared to

SeV18+/MtsHNts Δ F-GFP without P/L mutation, revealing an additive effect attributable to P/L mutation transduction. However, SeV18+/MtsHNts P86Lmut. Δ F-GFP exhibited increased secondarily released particle levels compared to SeV18+/MtsHNts Δ F-GFP, thus exhibiting no additive effect. From the point of view of reduction in secondarily released particles, SeV18+/MtsHNts P511Lmut. Δ F-GFP was judged to be outstanding.

[Example 17] Cytotoxicity of F-deficient SeV comprising both temperature resistant mutation and P/L mutation

Cytotoxicity was evaluated by utilizing CV-1 cells. The controls employed were an F-deficient SeV comprising no mutation transduced into P/L (SeV18+/ Δ F-GFP); and two types of SeV, one comprising only a temperature sensitive mutation (SeV18+/MtsHNts Δ F-GFP), and the other comprising only a P/L mutation (SeV18+/P511Lmut. Δ F-GFP, SeV18+/P86Lmut. Δ F-GFP). The experimental method is detailed in Example 6 and Example 12. Briefly, CV-1 cells were inoculated into a 96-well plate at a density of 2.5×10^4 cells/well (100 μ L/well), and then cultured. The culture used MEM supplemented with 10% FBS. After 24 hours of culture, an SeV18+/ Δ F-GFP, SeV18+/MtsHNts P86Lmut. Δ F-GFP or SeV18+/MtsHNts P511Lmut. Δ F-GFP solution diluted with 1% BSA-supplemented MEM was added in a volume of 5 μ L/well to affect infection. Six hours later, medium comprising the virus solution was removed, and replaced with FBS-free MEM medium. Three days after infection, the culture supernatant was sampled, and subjected to quantification using a Cytotoxicity Detection Kit (Roche, Basel, Switzerland) according to kit instructions. Transduction of the temperature sensitive mutation (in SeV18+/MtsHNts. Δ F-GFP) reduced cytotoxicity to some extent, and transduction of the P/L mutation (in SeV18+/P86Lmut. Δ F-GFP and SeV18+/P511Lmut. Δ F-GFP) also resulted in a similar reduction in cytotoxicity. The combination of both (in SeV18+/MtsHNts P86Lmut. Δ F-GFP and SeV18+/MtsHNts P511Lmut. Δ F-GFP) resulted in an additive effect, leading to a marked reduction in cytotoxicity (Fig. 28).

[Example 18] Quantification of expression of the genes comprised in

F-deficient SeV comprising both temperature resistant mutation and P/L mutation

Both SeV18+/MtsHNts P86Lmut.ΔF-GFP and SeV18+/MtsHNts P511Lmut. ΔF-GFP were also transduced with the SEAP gene at the +18 position, and SEAP expression level in infected cells was measured over time.

The experimental method is detailed in Example 5 and Example 13. Briefly, the LLC-MK2 cells were infected with SeV18+SEAP/ΔF-GFP, SeV18+SEAP/MtsHNts P86Lmut.ΔF-GFP or SeV18+SEAP/MtsHNts P511Lmut. ΔF-GFP at MOI=1 or MOI=3, and the culture supernatant was sampled over time (every 24 hours). SEAP activity was examined using a Reporter Assay Kit-SEAP (Toyobo Co. Ltd., Osaka, Japan) according to kit instructions. While a slight reduction in the expression level during the early stages of infection was noted, SEAP activity was almost similar for all vectors (Fig. 29). Thus, it was judged that there was almost no reduction in expression level, even when using the vector comprising both temperature resistant mutation and P/L mutation.

As an index of cytotoxicity, each vector comprising the SEAP gene was also subjected to LDH quantification in the infected cell culture supernatant. Similar to vectors without the SEAP gene, the transduction of both the temperature resistant mutation and the P/L mutation resulted in a marked reduction in cytotoxicity (Fig. 30).

[Example 19] Construction of the genomic cDNA of M gene-deficient SeV comprising the EGFP gene

This construction used the full-length genomic cDNA of M-deficient SeV, which is M gene-deficient (pSeV18+/ΔM: W000/09700). The construction scheme is shown in Fig. 31. The BstEII fragment (2098 bp) comprising the M-deficient site of pSeV18+/ΔM was subcloned to the BstEII site of pSE280 (pSE-BstEIIfrg construction). The EcoRV recognition site at this pSE280 site had been deleted by previous digestion with SalI/XhoI followed by ligation (Invitrogen, Groningen, Netherlands). pEGFP comprising the GFP gene (TOYOBO, Osaka, Japan) was digested using Acc65I and EcoRI, and the 5'-end of the digest was blunted by filling in using a DNA blunting Kit (Takara, Kyoto, Japan). The blunted fragment was then subcloned into the

pSE-BstEIIfrg, which had been digested with EcoRV and treated with BAP (TOYOBO, Osaka, Japan). This BstEII fragment, comprising the EGFP gene, was returned to the original pSeV18+/ΔM to construct the M gene-deficient SeV genomic cDNA (pSeV18+/ΔM-GFP), comprising the EGFP gene at the M-deficient site.

[Example 20] Construction of SeV genomic cDNA deficient in the M and F genes

The construction scheme described below is shown in Fig. 32. The M gene was deleted using pBlueNaeIfrg-ΔFGFP, which was constructed by subcloning an NaeI fragment (4922 bp) of the F-deficient Sendai virus full-length genomic cDNA comprising the EGFP gene at the F gene-deficient site (pSeV18+/ΔF-GFP: Li, H.-O. *et al.*, J. Virology 74, 6564-6569 (2000), W000/70070), to the EcoRV site of pBluescript II (Stratagene, La Jolla, CA). Deletion was designed so as to excise the M gene using the ApaLI site directly behind it. That is, the ApaLI recognition site was inserted right behind the P gene, so that the fragment to be excised became 6n. Mutagenesis was performed using the QuikChange™ Site-Directed Mutagenesis Kit (Stratagene, La Jolla, CA) according to kit method. The synthetic oligonucleotide sequences used for the mutagenesis were 5'-agagtcactgaccaactagatcgtgcacgaggcatcctaccatcctca-3'/ SEQ ID NO: 27 and 5'-tgaggatggtaggatgcctcgtgcacgatctagttggtcagtgactct-3'/SEQ ID NO: 28. After mutagenesis, the resulting mutant cDNA was partially digested using ApaLI (at 37°C for five minutes), recovered using a QIAquick PCR Purification Kit (QIAGEN, Bothell, WA), and then ligated as it was. The DNA was again recovered using the QIAquick PCR Purification Kit, digested with BsmI and StuI, and used to transform DH5α to prepare the M gene-deficient (and F gene-deficient) DNA (pBlueNaeIfrg-ΔMΔFGFP).

pBlueNaeIfrg-ΔMΔFGFP deficient in the M gene (and F gene) was digested with SalI and ApaLI to recover the 1480 bp fragment comprising the M gene-deficient site. pSeV18+/ΔF-GFP was digested with ApaLI/NheI to recover the HN gene-comprising fragment (6287 bp), and these two fragments were subcloned into the SalI/NheI site of Litmus 38 (New England Biolabs, Beverly, MA) (LitmusSalI/NheIfrg-ΔMΔFGFP

construction). The 7767 bp fragment recovered by digesting LitmusSalI/NheIfrg- Δ MAFGFP with SalI/NheI was ligated to another fragment (8294 bp) obtained by digesting pSeV18+/ Δ F-GFP with SalI/NheI, that did not comprise genes such as the M and HN genes.

5 In this way an M- and F-deficient Sendai virus full-length genome cDNA comprising the EGFP gene at the deficient site (pSeV18+/ Δ MAFGFP) was constructed. Structures of the M-deficient (and M- and F-deficient) viruses thus constructed are shown in Fig. 33.

10 [Example 21] Preparation of helper cells expressing SeV-F and SeV-M proteins

To prepare helper cells expressing M protein (and F protein), the Cre/loxP expression induction system was used. This system uses a plasmid, pCALNdLw, which is designed to induce the expression of gene products using Cre DNA recombinase (Arai, T. et al., J. Virol. 72: 1115-1121 (1988)). This system was also employed for the preparation of helper cells (LLC-MK2/F7 cells) for the F protein (Li, H.-O. et al., J. Virology 74, 6564-6569 (2000), W000/70070).

<1> Construction of M gene-expressing plasmids

20 To prepare helper cells which induce the simultaneous expression of F and M proteins, the above-described LLC-MK2/F7 cells were used to transfer the M gene to these cells using the above-mentioned system. Since the pCALNdLw/F used in the transfer of the F gene contained the neomycin resistance gene, it was essential to insert a different drug resistance gene to enable use of the same cells. Therefore,

25 according to the scheme described in Fig. 34, the neomycin resistance gene of the M gene-comprising plasmid (pCALNdLw/M: the M gene was inserted at the SwaI site of pCALNdLw) was replaced with the hygromycin resistance gene. That is, after pCALNdLw/M was digested with HincII and EcoT22I, an M gene-comprising fragment (4737 bp) was isolated

30 by electrophoresis on agarose, and the corresponding band was excised and recovered using the QIAEXII Gel Extraction System. At the same time, pCALNdLw/M was digested with XhoI to recover a fragment that did not comprise the neomycin resistance gene (5941 bp), and then

35 further digested with HincII to recover a 1779 bp fragment. The hygromycin resistance gene was prepared by performing PCR using

pcDNA3.1hygro(+) (Invitrogen, Groningen, Netherlands) as the template and the following pair of primers: hygro-5' (5'-tctcgcgagtcgctcgggtacgatgaaaaagcctgaactcaccgcgcgacgtctgtcgag-3'/ SEQ ID NO: 29) and hygro-3' (5'-aatgcatgatcagtaaattacaatgaacatcgaacccccagagtcctcgcctattcctttgc cctcggacgagtgctggggcgctc-3')/SEQ ID NO: 30). The PCR product was recovered using the QIAquick PCR Purification Kit, and then digested using XhoI and EcoT22I. pCALNdLw-hygroM was constructed by ligating these three fragments.

10 <2> Cloning of helper cells which induce the expression of SeV-M (and SeV-F) protein(s)

Transfection was performed using the Superfect Transfection Reagent by the method described in the Reagent's protocol. LLC-MK2/F7 cells were plated on 60 mm diameter Petri dishes at 5×10^5 cells/dish, and then cultured in D-MEM containing 10% FBS for 24 hours. pCALNdLw-hygroM (5 μ g) was diluted in D-MEM containing neither FBS nor antibiotics (150 μ l in total). This mixture was stirred, 30 μ l of the Superfect Transfection Reagent was added, and the mixture was stirred again. After standing at room temperature for ten minutes, D-MEM containing 10% FBS (1 ml) was added. The transfection mixture thus prepared was stirred, and added to LLC-MK2/F7 cells which had been washed once with PBS. After three hours of culture in an incubator at 37°C and in 5% CO₂ atmosphere, the transfection mixture was removed, and the cells were washed three times with PBS. D-MEM containing 10% FBS (5 ml) was added to the cells, which were then cultured for 24 hours. After culture, the cells were detached using trypsin, plated onto a 96-well plate at a dilution of about 5 cells/well, and cultured in D-MEM containing 10% FBS supplemented with 150 μ g/ml hygromycin (Gibco-BRL, Rockville, MD) for about two weeks. Clones propagated from a single cell were cultured to expand to a 6-well plate culture. A total of 130 clones were thus prepared, and were analyzed as detailed below.

35 <3> Analysis of helper cell clones which induce the expression of SeV-M (and SeV-F) protein(s)

Western-blotting was used to semi-quantitatively analyze M protein expression in the 130 clones obtained as detailed above. Each

clone was plated onto a 6-well plate, and, when in a state of near confluence, infected at MOI=5 with a recombinant adenovirus expressing Cre DNA recombinase (AxCANCre) diluted in MEM containing 5% FBS, according to the method of Saito *et al.* (Saito, I. *et al.*, Nucl. Acid. Res. 23, 3816-3821 (1995); Arai, T. *et al.*, J. Virol. 72, 1115-1121 (1998)). After culturing at 32°C for two days, the culture supernatant was removed. The cells were washed once with PBS, and recovered by detachment using a scraper. SDS-PAGE was performed by applying 1/10 of the cells thus recovered per lane, and then Western-Blotting was carried out using anti-M protein antibody, according to the method described in Examples 3 and 4. Of the 130 clones, those showing relatively high M protein expression levels were also analyzed by Western-blotting using the anti-F protein antibody (f236: Segawa, H. *et al.*, J. Biochem. 123, 1064-1072 (1998)). Both results are described in Fig. 35.

[Example 22] Reconstitution of M gene-deficient SeV virus

Reconstitution of M gene-deficient SeV (SeV18+/ Δ M-GFP) was carried out in conjunction with assessment of the clones described in Example 21. That is, P0 lysate of SeV18+/ Δ M-GFP was added to each clone, and whether or not GFP protein spread was observed (whether or not the trans-supply of M protein was achieved) was examined. P0 lysate was prepared according to the method described in Example 2, as follows: LLC-MK2 cells were plated on 100-mm diameter Petri dishes at 5×10^6 cells/dish, cultured for 24 hours, and then infected at MOI=2 with PLWUV-VacT7 at room temperature for one hour. Plasmids pSeV18+/ Δ M-GFP, pGEM/NP, pGEM/P, pGEM/L, pGEM/F-HN and pGEM/M were suspended in Opti-MEM at weight ratios of 12 μ g, 4 μ g, 2 μ g, 4 μ g, 4 μ g and 4 μ g/dish, respectively. To these suspensions, the equivalent of 1 μ g DNA/5 μ l of SuperFect transfection reagent was added and mixed. The mixture was allowed to stand at room temperature for 15 minutes, and finally added to 3 ml of Opti-MEM containing 3% FBS. This mixture was added to the cells, which were then cultured. After culturing for five hours, the cells were washed twice with serum-free MEM, and cultured in MEM containing 40 μ g/ml AraC and 7.5 μ g/ml trypsin. After 24 hours of culture, LLC-MK2/F7/A cells were layered at 8.5×10^6

cells/dish, and further cultured in MEM containing 40 µg/ml AraC and 7.5 µg/ml trypsin at 37°C for two days. These cells were recovered, the pellet was suspended in 2 ml/dish Opti-MEM, and P0 lysate was prepared by repeating three cycles of freezing and thawing. At the same time, ten different clones were plated on 24-well plates. When nearly confluent, they were infected with AxCANCre at MOI=5, and cultured at 32°C for two days. These cells were transfected with P0 lysate of SeV18+/ΔM-GFP at 200 µl/well, and cultured using serum-free MEM containing 40 µg/ml AraC and 7.5 µg/ml trypsin at 32°C. GFP protein spread due to SeV18+/ΔM-GFP was observed in clones #18 and #62 (Fig. 36). This spread was especially rapid in clone #62, which was used in subsequent experiments. Hereafter, these cells prior to induction with AxCANCre are referred to as LLC-MK2/F7/M62. After induction, cells which continuously express F and M proteins are referred to as LLC-MK2/F7/M62/A. Preparation of SeV18+/ΔM-GFP cells was continued using LLC-MK2/F7/M62/A cells. Six days after P2 infection, 9.5×10^7 GFP-CIU viruses were prepared. Five days after P4 infection, 3.7×10^7 GFP-CIU viruses were prepared.

It is thought that, in this experiment, recovery of the SeV18+/ΔM-GFP virus became possible after the modification indicated in Example 3 (e.g., culturing at 32°C after the P1 stage). In SeV18+/ΔM-GFP, *in trans* supply of M protein from expression cells (LLC-MK2/F7/M62/A) is thought to be a cause, however, spread was extremely slow, and was finally observed seven days after P1 infection (Fig. 36). Thus, also in viral reconstitution experiments, "culturing at 32°C after the P1 stage" is supported as being very effective in reconstituting SeV which has inefficient transcription-replication or poor ability to form infectious virions.

[Example 23] Productivity of an M gene-deficient virus

The productivity of this virus was also investigated. LLC-MK2/F7/M62/A cells were plated on 6-well plates and cultured at 37°C. When the cells were nearly confluent, they were shifted to 32°C. One day later, these cells were infected at MOI=0.5 with SeV18+/ΔM-GFP. The culture supernatant was recovered over time, and replaced with fresh medium. Supernatants thus recovered were assayed for CIU and

HAU. Most viruses were recovered four to six days after infection (Fig. 37). HAU was maintained for six or more days after infection, however cytotoxicity was strongly exhibited at this point, indicating the cause was not HA protein originating in viral particles, but rather the activity of HA protein free or bound to cell debris. Therefore for virus collection, the culture supernatant should be recovered by the fifth day after infection.

[Example 24] Structural confirmation of M gene-deficient SeV

SeV18+/ Δ M-GFP's viral genes were confirmed by RT-PCR, and the viral proteins by Western-blotting. In RT-PCR, the P2 stage virus six days after infection was used. QIAamp Viral RNA Mini Kit (QIAGEN, Bothell, WA) was used in the recovery of RNA from the viral solution. Thermoscript RT-PCR System (Gibco-BRL, Rockville, MD) was used to prepare the cDNA. Both systems were performed using kit protocol methods. The random hexamer supplied with the kit was used as the primer for cDNA preparation. To confirm that the product was formed starting from RNA, RT-PCR was performed in the presence or absence of reverse transcriptase. PCR was performed with the above-prepared cDNA as the template, using two pairs of primers: one combination of F3593 (5'-ccaatctaccatcagcatcagc-3'/SEQ ID NO: 31) on the P gene and R4993 (5'-ttcccttcacatcgactatgacc-3'/SEQ ID NO: 32) on the F gene, and another combination of F3208 (5'-agagaacaagactaaggctacc-3'/SEQ ID NO: 33) on the P gene and R4993. As expected from the gene structure of SeV18+/ Δ M-GFP, amplifications of 1073 bp and 1458 bp DNAs were observed from the former and latter combinations respectively (Fig. 38). Where reverse transcriptase was omitted (RT-), gene amplification did not occur. Where the M gene was inserted instead of the GFP gene (pSeV18+GFP), 1400 bp and 1785 bp DNAs were amplified respectively. These DNAs are clearly different in size from those described above, supporting the fact that this virus is M gene-deficient in structure.

Protein confirmation was performed using Western- blotting. LLC-MK2 cells were infected at MOI=3 with SeV18+/ Δ M-GFP, SeV18+/ Δ F-GFP and SeV18+GFP, respectively, and the culture supernatant and cells were recovered three days after infection. The

culture supernatant was centrifuged at 48,000 g for 45 minutes to recover viral proteins. After SDS-PAGE, Western-blotting was performed to detect proteins using anti-M protein antibody, anti-F protein antibody, and DN-1 antibody (rabbit polyclonal) which mainly
5 detects NP protein, according to the method described in Examples 3 and 4. In cells infected with SeV18+/ Δ M-GFP, M protein was not detected while F or NP protein was observed. Therefore this virus was also confirmed to have the SeV18+/ Δ M-GFP structure from the point of view of proteins (Fig. 39). F protein was not observed in cells
10 infected with SeV18+/ Δ F-GFP, while all viral proteins examined were detected in cells infected with SeV18+GFP. In addition, very little NP protein was observed in the culture supernatant in the case of infection with SeV18+/ Δ M-GFP, indicating that there were no or very few secondarily released particles.

15 [Example 25] Quantitative analysis concerning the presence or absence of secondarily released particles of M gene-deficient SeV

As described in Example 24, LLK-MK2 cells were infected with SeV18+/ Δ M-GFP at MOI=3, the culture supernatant was recovered three
20 days after infection, filtered through an 0.45 μ m pore diameter filter, and then centrifuged at 48,000 g for 45 minutes to recover viral proteins. Western-blotting was then used to semi-quantitatively detect viral proteins in the culture supernatant. Samples similarly prepared from cells infected with SeV18+/ Δ F-GFP were used as the
25 control. Serial dilutions of respective samples were prepared and subjected to Western-blotting to detect proteins using the DN-1 antibody (primarily recognizing NP protein). The viral protein level in the culture supernatant of cells infected with SeV18+/ Δ M-GFP was estimated to be about 1/100 that of cells infected with SeV18+/ Δ F-GFP
30 (Fig. 40). Sample HA activities were 64 HAU for SeV18+/ Δ F-GFP, compared to less than 2 HAU for SeV18+/ Δ M-GFP.

Time courses were examined for the same experiments. That is, LLC-MK2 cells were infected at MOI=3 with SeV18+/ Δ M-GFP, and the culture supernatant was recovered over time (every day) to measure
35 HA activity (Fig. 41). Four days or more after infection, slight HA activity was detected. However, measurements of LDH activity, an

indicator of cytotoxicity, revealed clear cytotoxicity four or more days after infection in the SeV18+/ Δ M-GFP-infected cells (Fig. 42). This indicated the strong possibility that elevated HA activity was not due to VLPs, but to the activity of HA protein bound to or free from cell debris. Furthermore, the culture supernatant obtained five days after infection was examined using Dosper Liposomal Transfection Reagent, a cationic liposome (Roche, Basel, Switzerland). The culture supernatant (100 μ l) was mixed with Dosper (12.5 μ l), allowed to stand at room temperature for ten minutes, and then transfected to LLC-MK2 cells cultured to confluency on 6-well plates. Inspection under a fluorescence microscope two days after transfection revealed that many GFP-positive cells were observed in the supernatant of cells infected with SeV18+/ Δ F-GFP which contained secondarily released particles, while very few or almost no GFP-positive cells were observed in the supernatant of cells infected with SeV18+/ Δ M-GFP (Fig. 43). From the above results, the secondary release of particles was concluded to be almost completely suppressed by M protein deficiency.

[Example 26] Reconstitution of SeV deficient in both F and M genes

Reconstitution of SeV deficient in both F and M genes (SeV18+/ Δ M Δ F-GFP) was performed by the same method used for the reconstitution of SeV18+/ Δ M-GFP, as described in Example 22. That is, LLC-MK2 cells were plated on 100-mm diameter Petri dishes at 5×10^6 cells/dish, cultured for 24 hours, and then infected at MOI=2 with PLWUV-VacT7 at room temperature for one hour. Plasmids pSeV18+/ Δ M Δ F-GFP, pGEM/NP, pGEM/P, pGEM/L, pGEM/F-HN and pGEM/M were suspended in Opti-MEM at weight ratios of 12 μ g, 4 μ g, 2 μ g, 4 μ g, 4 μ g and 4 μ g/dish, respectively. One μ g DNA/5 μ l equivalent of SuperFect transfection reagent were added to the suspension and mixed. The mixture was allowed to stand at room temperature for 15 minutes before 3 ml of Opti-MEM containing 3% FBS was added. The mixture was added to the cells after washing with serum-free MEM, and the cells were cultured. After five hours of culture, the cells were washed twice with serum-free MEM, and cultured in MEM containing 40 μ g/ml AraC and 7.5 μ g/ml trypsin. After culturing for 24 hours, LLC-MK2/F7/M62/A cells were layered at 8.5×10^6 cells/dish, and

further cultured in MEM containing 40 µg/ml AraC and 7.5 µg/ml trypsin at 37°C for two days. These cells were recovered, the pellet was suspended in 2 ml/dish of Opti-MEM, and P0 lysate was prepared by repeating three cycles of freezing and thawing. Meanwhile, LLC-MK2/F7/M62/A cells were plated on 24-well plates until nearly confluent, and then moved to 32°C, and cultured for one day. Cells thus prepared were transfected with P0 lysate of SeV18+/ΔMΔF-GFP at 200 µl/well, and cultured using serum-free MEM containing 40 µg/ml AraC and 7.5 µg/ml trypsin at 32°C. With P0, well spread GFP positive cells were observed. In the case of P1, spread of GFP positive cells was also observed, although very weak (Fig. 44). However, viral solution comprising a detectable titer could not be recovered. Where LLC-MK2/F7/M62/A cells were infected with SeV18+/ΔF-GFP or SeV18+/ΔM-GFP, the smooth spread of GFP positive cells was observed for both viruses (Fig. 45). Cells expressing both F and M (LLC-MK2/F7/M62/A cells) were infected with SeV18+/ΔF-GFP or SeV18+/ΔM-GFP at MOI=0.5. Sampling was carried out three and six days later. Samples were mixed with 1/6.5 volume of 7.5 % BSA (final concentration=1%) and stored. Vector productivity was investigated by measuring titers. As a result, SeV18+/ΔF-GFP was recovered as viral solution of 10⁸ or more GFP-CIU/ml and SeV18+/ΔM-GFP was recovered as viral solution of 10⁷ or more GFP-CIU/ml (Table 1). Thus, these results indicate that both M and F proteins can be successfully supplied *in trans*.

Table 1

	3 days after infection	6 days after infection	
SeV18+/ΔF-GFP	1.0×10 ⁸	1.7×10 ⁸	
SeV18+/ΔM-GFP	1.0×10 ⁷	3.6×10 ⁷	GFP-CIU/ml

[Example 27] Improvement in helper cells expressing SeV-F and M proteins

When using the M/F-expressing LLC-MK2/F7/M62/A helper cells,

M/F double-deficient SeV (SeV18+/ Δ MAF-GFP) viral particles could not be recovered. However, F-deficient SeV (SeV18+/ Δ F-GFP) and M-deficient SeV (SeV18+/ Δ M-GFP) could be both reconstructed and produced. Therefore, M and F protein trans-supply, as a basic ability of the Cre/loxP expression-inducing system utilizing the same helper cells, was considered to be sufficiently possible. Thus, the use of the Cre/loxP expression-inducing system was judged effective, and further increases in the levels of M and F proteins expressed using this system was judged to be required in order to enable reconstruction of the M/F double-deficient SeV.

<1> Construction of a M and F-expressing plasmid

To improve the helper cells that simultaneously induce the expression of M and F proteins, the above-described system was used to re-transduce M and F genes into above-described LLC-MK2/F7/M62 cells (produced earlier). Since the pCALNdLw/F used to transduce the F gene comprised a neomycin resistant gene, and the pCALNdLw/hygroM used to transduce the M gene comprised a hygromycin resistant gene, different resistance genes needed to be transduced in order to use these cells. Accordingly, the neomycin resistant gene of the F gene-comprising plasmid (pCALNdLw/F: M gene transduced into the *Swa*I site of pCALNdLw) was replaced with a zeocin resistant gene, in accordance with the scheme shown in Fig. 46. Thus, the pCALNdLw/F was digested with *Spe*I and *Eco*T22I, an F gene-comprising fragment (5477 bp) was separated using agarose electrophoresis, and the relevant band was cut out and recovered using a QIAEXII Gel Extraction System. At the same time, pCALNdLw/F was cleaved with *Xho*I, and a fragment without the neomycin resistant gene (6663 bp) was recovered, and then further cleaved with *Spe*I to recover a 1761 bp fragment. The zeocin resistant gene was prepared as follows: PCR was carried out using pcDNA3.1Zeo(+) (Invitrogen, Groningen, Netherlands) as a template and two primers, zeo-5' (5'-TCTCGAGTCGCTCGGTACGatggccaagttgaccagtgccggttcggtgctcac-3'/SEQ ID No: 34); and zeo-3' (5'-AATGCATGATCAGTAAATTACAATGAACATCGAACCCAGAGTCCCGCtcagtcctgctcctcg gccacgaagtgcacgcagttg-3'/SEQ ID NO: 35). The amplification product was recovered using a QIAquick PCR Purification Kit, and digested

with XhoI and EcoT22I. These three fragments were then ligated to prepare pCALNdLw-zeoF. An XhoI fragment was then used to recombine the drug resistant gene-comprising fragment, and the pCALNdLw-zeoM gene was constructed.

5 <2> Cloning of helper cells

Transfection was conducted according to the method described in the protocol using a LipofectAMINE PLUS reagent (Invitrogen Corp., Groningen, Netherlands). Thus, the following procedures were performed: The LLC-MK2/F7/M62 cells were inoculated to 60 mm petri
 10 dishes at a density of 5×10^5 cells/dish, and cultured in 10% FBS-comprising D-MEM for 24 hours. Each 1 μ g (2 μ g in total) of the pCALNdLw-zeoF and pCALNdLw-zeoM was diluted in FBS- and antibiotic-free D-MEM (242 μ L in total), agitated, combined with 8 μ L of a LipofectAMINE PLUS reagent, re-agitated, and allowed to stand
 15 at room temperature for 15 minutes. Subsequently, 12 μ L of the LipofectAMINE reagent diluted preliminarily with an FBS- and antibiotic-free D-MEM (250 μ L in total) was added, and the mixture was allowed to stand at room temperature for 15 minutes. Subsequently, 2 ml of the FBS- and antibiotic-free D-MEM was added and agitated.
 20 This transfection mixture was added to the LLC-MK2/F7/M62 cells, which had been washed once with PBS. After culturing in a 37°C in 5% CO₂ incubator for three hours, 2.5 ml of 20% FBS-containing D-MEM was added without removing the transfection mixture. After culturing for 24 hours, the cells were scraped using trypsin, dispensed to a 96-well
 25 plate at a density of about 5 cells/well or 25 cells/well, and cultured for about two weeks in 500 μ g/mL zeocin (Gibco-BRL, Rockville, MD)-containing 10% FBS-supplemented D-MEM. Clones spreading from a single cell were propagated up to 6-well plates. A total of 98 clones thus prepared were analyzed.

30 The resultant 98 clones were semi-quantitatively examined for M and F protein expression levels using Western-blotting. Each clone was inoculated into a 12-well plate, and when almost confluent, was infected with a Cre DNA recombinase-expressing recombinant adenovirus (AxCANCre), diluted with a 5% FBS-containing MEM at MOI=5 using the
 35 method of Saito *et al.* (Saito, I. *et al.*, Nucl. Acid. Res. 23, 3816-3821 (1995); and Arai, T. *et al.*, J. Virol. 72, 1115-1121 (1998)). After

culturing at 32°C for two days, the culture supernatant was removed. The cells were washed once with PBS, and recovered by scraping with a cell scraper. A 1/5 volume aliquot was applied per lane, subjected to SDS-PAGE, and then Western blotting using an anti-M antibody and an anti-F antibody (f236: Segawa, H. *et al.*, J. Biochem. 123, 1064-1072 (1998)). The results of nine clones of about 98 evaluated are indicated in Fig. 47.

[Example 28] Reconstitution of M/F double-deficient SeV (2)

10 The reconstitution of M/F double-deficient SeV (SeV18+/ Δ MAF-GFP) was conducted in conjunction with the evaluation of the clones described in Example 27. Thus, the possibility of reconstitution was evaluated using P0 Lysate (lysate of the transfected cells) of the M/F double-deficient SeV reconstitution, .

15 P0 lysate was prepared as described below, in a method analogous to that described in Example 2. LLC-MK2 cells were inoculated at a density of 5×10^6 cells/dish to a 100 mm petri dish, cultured for 24 hours, and then infected with aPLWUV-VacT7 at room temperature for one hour (MOI=2). After washing with serum-free MEM, the plasmids

20 pSeV18+/ Δ MAF-GFP, pGEM/NP, pGEM/P, pGEM/L, pGEM/F-HN and pGEM/M were suspended in Opti-MEM in the ratios of 12 μ g, 4 μ g, 2 μ g, 4 μ g, 4 μ g and 4 μ g/dish, respectively. SuperFect transfection reagent was added at a concentration of 5 μ L reagent to 1 μ g DNA. The samples were mixed, allowed to stand at room temperature for 15 minutes, and

25 finally combined with 3 ml of a 3% FBS-containing Opti-MEM. The mixture was added to the cells, and they were cultured for five hours. The cells were then washed twice with serum-free MEM, and cultured in MEM containing 40 μ g/mL AraC and 7.5 μ g/mL Trypsin. After culturing for 24 hours, 8.5×10^6 cells/dish were overlaid with LLC-MK2/F7/A,

30 and cultured for a further two days at 37°C in MEM containing 40 μ g/mL AraC and 7.5 μ g/mL Trypsin. These cells were recovered, the pellet was suspended in 2 ml/dish of Opti-MEM, and then frozen and thawed three times repeatedly, thus preparing P0 lysate. Meanwhile, freshly cloned cells were inoculated to a 24-well plate. When nearly confluent,

35 these cells were infected with AxCANCre at MOI=5, and then cultured at 32°C for two days. The resultant cells were transfected with 200

5 μ l/well of the P0 lysate of SeV18+/ Δ MAF-GFP, and cultured in serum-free
 MEM comprising 40 μ g/mL AraC and 7.5 μ g/mL Trypsin at 32°C. Twenty
 clones of those evaluated exhibited GFP protein spread, and M/F
 double-deficient SeVs were successfully recovered. Reconstitution
 10 conditions for several of these clones are indicated (Fig. 48).
 However, in clone #33 (LLC-MK2/F7/M62/#33), 10^8 GFP-CIU/mL or more
 infected viral particles were recovered at the p3 stage (the third
 subculture). Therefore, clone #33 was regarded as an extremely
 promising cell for production. Transduction of LLC-MK2/F7/M62 cells
 15 with both M and F genes resulted in the preparation cells enabling
 high yield recovery of M/F double-deficient SeV. These findings
 suggest that expression is extremely satisfactory at the
 LLC-MK2/F7/M62 cell stage, and slightly upregulated in both M/F
 proteins (via transduction of both the M and F genes), enabling
 20 recovery of the M/F double-deficient SeV.

[Example 29] Ability to produce M/F double-deficient SeV

This virus was also examined from the point of view of ease of
 production. LLC-MK2/F7/M62/#33 were inoculated in a 6-well plate,
 20 and cultured at 37°C. When nearly confluent, the cells were infected
 with AxCANCre at MOI=5 (LLC-MK2/F7/M62/#33/A), and cultured at 32°C
 for two days. The cells were then infected with SeV18+/ Δ MAF-GFP at
 MOI=0.5, and culture supernatant was recovered over time as fresh
 medium was added. The recovered supernatant was examined for CIU and
 25 HAU. Two days and beyond after infection, the virus was recovered
 continuously at 10^8 CIU/mL or more (Fig. 49). Virus production was
 considered efficient because changes in CIU and HAU occurred in
 parallel, and most of the produced particles were infectious.

30 [Example 30] Structural confirmation of M/F double-deficient SeV

The SeV18+/ Δ MAF-GFP viral gene was confirmed by RT-PCR, and the
 viral proteins were confirmed using Western-blotting. In RT-PCR, the
 virus at the P2 stage five days after infection (P2d5) was used. A
 QIAamp Viral RNA Mini Kit (QIAGEN, Bothell, WA) was used to recover
 35 RNA from the viral solution. A SuperScript One-Step RT-PCR System
 (Gibco-BRL, Rockville, MD) was utilized in the cDNA preparation. Both

systems were used according to methods described in the protocols attached thereto. Two combinations of primers were used in PCRs for cDNA preparation and RT-PCR: the combination of F3208 on the P gene (5'-agagaacaagactaaggctacc-3'/SEQ ID No: 33) and GFP-RV on the GFP gene (5'-cagatgaacttcagggtcagcttg-3'/SEQ ID No: 36); and the combination of this same F3208, and R6823 on the HN gene (5'-tgggtgaatgagagaatcagc-3'/SEQ ID No: 37). As predicted from the gene structure of the SeV18+/ Δ MAF-GFP, PCR using the former pair amplified a 644bp fragment, and that using the latter amplified a 1495bp fragment (Fig. 50). Amplification using SeV18+/ Δ M-GFP and SeV18+/ Δ F-GFP resulted in genes of respectively predicted size, indicating a clear difference in size compared to that obtained using the SeV18+/ Δ MAF-GFP. Based on the findings described above, this virus is suggested to comprise a M/F double-deficient gene structure.

Furthermore, Western-blotting was used to confirm structure from the point of view of the proteins. LLC-MK2 cells were infected at MOI=3 with SeV18+/ Δ MAF-GFP, SeV18+/ Δ M-GFP, SeV18+/ Δ F-GFP and SeV18+GFP, and recovered two days after the infection. After performing SDS-PAGE, Western-Blotting was performed using an anti-M antibody, anti-F antibody, and a DN-1 antibody (rabbit polyclonal) which mainly recognizes NP protein. The methods are as described in Example 3 and Example 4. Neither M protein nor F protein was observed in SeV18+/ Δ MAF-GFP-infected cells, but NP was observed. Therefore the structure of SeV18+/ Δ MAF-GFP was also confirmed from the viewpoint of proteins (Fig. 51). At this time, SeV18+/ Δ F-GFP-infected cells did not exhibit F protein, SeV18+/ Δ M-GFP-infected cells did not exhibit M protein, and all of the tested viral proteins were observed in SeV18+GFP.

[Example 31] Quantitative analysis of the presence or absence of M/F double-deficient SeV secondarily released particles

This experiment was conducted over time. Thus, LLC-MK2 cells were infected at MOI=3 with SeV18+/ Δ MAF-GFP, and culture supernatant was recovered at certain time intervals (every 24 hours) and examined for HA activity (Fig. 52). Four days after infection, HA activity was observed, although at low levels. The increased HA activity for

SeV18+/ Δ MAF-GFP was assumed to be attributable to HA protein bound to or liberated from cell debris, rather than to VLPs. Furthermore, culture supernatant obtained five days after infection was investigated using a cationic liposome, namely, Dosper Liposomal Transfection Reagent (Roche, Basel, Switzerland). Thus, 100 μ l of the culture supernatant and 12.5 μ l of Dosper were mixed and allowed to stand at room temperature for ten minutes, and then transfected to LLC-MK2 cells which had been grown confluent in a 6-well plate. Two days later, fluorescence microscopic observation revealed a large number of GFP-positive cells in the culture supernatant of the SeV18+/ Δ F-GFP-infected cells containing secondarily released particles, while almost no GFP-positive cells were found in the SeV18+/ Δ MAF-GFP-infected cell culture supernatant (Fig. 53). Based on these findings, it was concluded that in the case of SeV18+/ Δ MAF-GFP, secondary release of particles from infected cells was virtually absent.

[Example 32] Evaluation of the viral infectivity of M/F double-deficient SeV and M-deficient SeV (*in vitro*)

The efficiency of transduction and expression in non-dividing cells is an important factor for evaluating the performance of a gene transfer vector. Therefore, assessment is essential. Accordingly, cerebral cortex nerve cells were prepared from the brain of a rat fetus on day 17 of pregnancy. These cells were cultured as a first generation for investigating infectivity in non-dividing cells.

The first generation nerve cell culture derived from the rat cerebral cortex was obtained as follows: On day 17 of pregnancy, a pregnant SD rat was decapitated under ether anesthesia. The abdomen was sterilized using Isodine and 80% ethanol, the uterus removed and placed onto a 10 cm petri dish, and the fetuses were taken from the uterus. Then, the fetal scalp and cranial bone were opened using INOX 5 forceps, and the brain was excised to a 35 mm petri dish. The cerebellum and a part of the brain stem were removed using ophthalmic scissors, the cerebrum was divided into semispheres, and the remainder of the brain stem was removed. The olfactory bulb and the meninx were clipped off using forceps. Finally, the diencephalon and hippocampus

were removed using ophthalmic scissors, and the cortex was collected in a petri dish, cut into small pieces using a surgical scalpel, and transferred into a 15 mm centrifuge tube. The cells were treated with 0.3 mg papain/ml at 37°C for ten minutes, treated and then washed with 5 ml of serum-containing medium, and then dispersed. After passing through a 70 μ m strainer, the cells were collected by centrifugation and dispersed by gentle pipetting. The cells were then counted. The cells were inoculated onto a poly-L-lysine (PLL)-coated 24 well plate at a density of 2×10^5 or 4×10^5 cells/well, and two days later were infected with an M/F double-deficient SeV (SeV18+/ Δ MAF-GFP) and an M-deficient SeV (SeV18+/ Δ M-GFP) at MOI=3. Thirty-six hours after infection, the cells were immunostained with MAP2 as a neurocyte-specific marker, and infected cells were identified on the basis of overlap with the GFP-expressing cells (SeV-infected cells).

MAP2 immunostaining was conducted as follows: The infected cells were washed with PBS, fixed with 4% paraformaldehyde at room temperature for ten minutes, again washed with PBS, and then blocked with a 2% normal goat serum-containing PBS at room temperature for 60 minutes. The cells were reacted with a 200-fold-diluted anti-MAP2 antibody (Sigma, St.Louis, MO) at 37°C for 30 minutes, washed with PBS, and reacted with a 200-fold-diluted secondary antibody (goat anti mouse IgG Alexa568: Molecular Probes Inc., Eugene, OR) at 37°C for 30 minutes. After washing with PBS, cell fluorescence was observed using a fluorescence microscope (DM IRB-SLR: Leica, Wetzlar, Germany).

In both the M/F double-deficient SeV (SeV18+/ Δ MAF-GFP) and the M-deficient SeV (SeV18+/ Δ M-GFP), most of the MAP2-positive cells were GFP positive (Fig. 54). That is, most of the prepared nerve cells exhibited efficient SeV infection, and therefore both M/F double-deficient SeV and M-deficient SeV were confirmed to have efficient transduction and expression in non-dividing cells.

[Example 33] Evaluation of the viral infectivity of M/F double-deficient SeV and M-deficient SeVs (*in vivo*)

Infectivity *in vivo* was evaluated. 5 μ l (1×10^9 p.f.u/ml) of each of M/F double-deficient SeV (SeV18+/ Δ MAF-GFP) and M-deficient SeV

(SeV18+/ Δ M-GFP) was administered to the left lateral ventricle of a jird mouse using stereo method. Two days after administration, the mice were sacrificed, their brains removed, and frozen sections prepared. Specimens were observed using a fluorescence microscope, and examined for infection on the basis of GFP fluorescence intensity. Both the M/F double-deficient SeV (SeV18+/ Δ M Δ F-GFP) and M-deficient SeV (SeV18+/ Δ M-GFP) resulted in numerous positive cells in the ependymal cells of both lateral ventricles (Fig. 55). Thus, it was revealed that both M/F double-deficient SeV and M-deficient SeV were capable of achieving efficient gene transduction and expression *in vivo*.

[Example 34] Evaluation of M/F double-deficient SeV and M-deficient SeV cytotoxicity

Cytotoxicity was evaluated utilizing cells that enabled observation of SeV-dependent cytotoxicity, namely, using CV-1 cells and HeLa cells. As controls, an added-type SeV (native type: SeV18+GFP) (having replicative ability) and an F-deficient SeV (SeV18+/ Δ F-GFP) were also measured at the same time. The experimental method is detailed in Example 6, Example 12 and Example 17. Briefly, CV-1 cells or HeLa cells were inoculated to a 96-well plate at 2.5×10^4 cells/well (100 μ L/well) and cultured. Both cultures employed 10% FBS-containing MEM. After culturing for 24 hours, the SeV18+GFP, SeV18+/ Δ F-GFP, SeV18+/ Δ M-GFP or SeV18+/ Δ M Δ F-GFP solution was diluted with 1% BSA-containing MEM in a volume of 5 μ L/well, and the solution was added to affect infection. After six hours, the viral solution-containing medium was removed, and replaced with FBS-free MEM medium. Three days after infection, the culture supernatant was sampled, and subjected to cytotoxicity quantification using a Cytotoxicity Detection Kit (Roche, Basel, Switzerland) according to kit instructions. Compared to the added-type SeV, the deletion of the M gene or F gene (in SeV18+/ Δ F-GFP and SeV18+/ Δ M-GFP) resulted in reduced cytotoxicity, and the combination of these two deletions (in SeV18+/ Δ M Δ F-GFP) resulted in an additive effect, further reducing cytotoxicity (Fig. 56).

As described above, "the M/F double-deficient SeV vector",

successfully reconstituted for the first time in this invention, is a highly versatile gene transfer vector comprising the ability to infect various cells, including non-dividing cells, eliminating almost all secondarily released particles, and exhibiting reduced cytotoxicity.

Effects of the Invention

The present invention provides methods of testing for, screening for, and producing (-)strand RNA viruses in which particle formation ability is reduced or eliminated. The viruses produced by this invention are useful as gene transfer vectors with fewer side effects against hosts, since they reduce both cytotoxicity and immunoresponse induction caused by secondary release (VLP release) from gene-transferred cells. Vectors provided by the present invention are especially expected to have various applications as vectors for *in vivo* and *ex vivo* gene therapy.

CLAIMS

1. A method for testing particle formation ability of a (-)strand RNA virus vector, wherein the method comprises detecting
5 localization of M protein in cells in which the vector has been introduced.

2. A method of screening for a (-)strand RNA virus vector whose particle formation ability has been reduced or eliminated, comprising the steps of:

10 (a) detecting localization of M protein in cells into which the vector has been introduced; and

(b) selecting the vector by which localization has been reduced or eliminated.

3. The method according to claim 1 or 2, wherein the
15 localization of M protein is an aggregation of M proteins on the cell surface.

4. A method of screening for a gene which reduces or eliminates particle formation ability of a (-)strand RNA virus vector, comprising the steps of:

20 (a) detecting localization of M protein in cells into which the (-)strand RNA virus vector comprising a test gene has been introduced; and

(b) selecting the gene which reduces or eliminates localization.

5. The method according to claim 4, wherein the localization
25 of M protein is an aggregation of M proteins on the cell surface.

6. The method according to claim 4 or 5, wherein the test gene is a mutant of a gene selected from the group consisting of M, F, and HN genes of a (-)strand RNA virus.

7. A method for producing a recombinant (-)strand RNA virus
30 vector whose particle formation ability has been reduced or eliminated, wherein the method comprises reconstituting the (-)strand RNA virus vector comprising a gene which can be identified or isolated by a method according to any one of claims 4 to 6, under a condition where the reduction or elimination of M protein localization by the gene
35 is continuously complemented.

8. A method for producing a recombinant (-)strand RNA virus

vector whose particle formation ability has been reduced or eliminated, wherein the method comprises reconstituting the (-)strand RNA virus vector by which the localization of the M gene expression product is reduced or eliminated as a result of the deletion or mutation of the M gene, under a condition where functional M protein is continuously expressed.

9. The method according to claim 8, wherein the step comprises reconstituting, at a permissive temperature, the (-)strand RNA virus vector comprising a temperature-sensitive mutant M gene by which the aggregation of gene products on the cell surface has been reduced or eliminated.

10. The method according to claim 9, wherein the temperature-sensitive mutant M gene is a gene encoding a (-)strand RNA virus M protein, in which an amino acid corresponding to at least one amino acid position selected from the group consisting of G69, T116 and A183 of a Sendai virus M protein has been substituted with another amino acid.

11. The method according to claim 8, wherein the step comprises reconstituting the (-)strand RNA virus vector whose M gene is deleted, under a condition where the M gene, which has been introduced in the chromosome of the cells used for reconstitution, is expressed.

12. A method according to any one of claims 7 to 11, wherein the (-)strand RNA virus vector further comprises the deletion of HN and/or F genes, or comprises a temperature-sensitive mutant HN and/or F genes.

13. The method according to claim 12, wherein the temperature-sensitive mutant HN gene is a gene encoding a (-)strand RNA virus HN protein, in which an amino acid corresponding to at least one amino acid position selected from the group consisting of A262, G264, and K461 of a Sendai virus HN protein, has been substituted with another amino acid.

14. A method according to any one of claims 7 to 13, wherein the (-)strand RNA virus vector further comprises a mutation in the P and/or L gene.

15. The method according to claim 14, wherein the mutation in the P gene is a substitution of an amino acid position of the (-)strand

RNA virus P protein, corresponding to E86 and/or L511 of a Sendai virus P protein, with another amino acid.

16. The method according to claim 14 or 15, wherein the mutation in the L gene is a substitution of an amino acid position of the (-)strand RNA virus L protein, corresponding to N1197 and/or K1795 of a Sendai virus L protein, with another amino acid.

17. A method according to any one of claims 7 to 16, wherein the method comprises reconstituting a vector at 35°C or a lower temperature.

18. A method according to any one of claims 1 to 17, wherein the (-)strand RNA virus is a paramyxovirus.

19. The method according to claim 18, wherein the paramyxovirus is a Sendai virus.

20. A recombinant (-)strand RNA virus vector produced by a method according to any one of claims 7 to 14, wherein the particle formation ability of the vector has been reduced or eliminated.

21. A recombinant (-)strand RNA virus, comprising a functional M protein, but whose M protein-encoding sequence is deleted in the genome of the virus.

22. A recombinant (-)strand RNA virus comprising at least one feature selected from the group consisting of the following (a) to (d):

(a) the M protein encoded in the genome of the virus comprises a substitution of an amino acid, corresponding to at least one amino acid position selected from the group consisting of G69, T116 and A183 of a Sendai virus M protein, with another amino acid;

(b) the HN protein encoded in the genome of the virus comprises a substitution of an amino acid, corresponding to at least one amino acid position selected from the group consisting of A262, G264, and K461 of a Sendai virus HN protein, with another amino acid;

(c) the P protein encoded in the genome of the virus comprises a substitution of an amino acid, corresponding to the amino acid position of E86 or L511 of a Sendai virus P protein, with another amino acid;

(d) the L protein encoded in the genome of the virus comprises a substitution of an amino acid, corresponding to the amino acid position of N1197 and/or K1795 of a Sendai virus L protein or an amino acid

of another (-)strand RNA virus M protein homologous thereto, with another amino acid.

23. The virus according to claim 22 comprising the features of at least (a) and (b).

5 24. The virus according to claim 22 comprising the features of at least (c) and (d).

25. The virus according to claim 22 comprising the features of all of (a) to (d).

10 26. A virus according to any one of claims 21 to 25, wherein at least one sequence encoding a spike protein in the genome of the virus is further deleted.

27. The virus according to claim 26, wherein the spike protein is an F protein.

15 28. A virus according to any one of claims 21 to 27, wherein the (-)strand RNA virus is a paramyxovirus.

29. The virus according to claim 28, wherein the paramyxovirus is a Sendai virus.

30. A recombinant virus according to any one of claims 21 to 29, which is used for reducing cytotoxicity upon gene introduction.

20 31. A recombinant virus according to any one of claims 21 to 30, which is used for inhibiting the reduction in the expression level of an introduced gene upon gene introduction.

32. A recombinant virus according to any one of claims 21 to 31, which is used for inhibiting the release of a virus-like particle (VLP) from a cell into which a virus has been introduced upon gene transduction.

25 33. An aqueous solution comprising a recombinant virus according to any one of claims 21 to 32 at a level of 10^6 CIU/ml or higher.

ABSTRACT

The present invention provides methods for testing and producing (-)strand RNA virus vectors with reduced or eliminated particle formation ability or cytotoxicity. It was revealed that a deficiency in M protein localization in cells introduced with such a (-)strand RNA virus vector could result in the suppression of virus-like particle (VLP) formation in the cells. The present invention provides methods for testing and screening for a (-)strand RNA virus vector in which particle formation ability has been reduced or eliminated, and methods for producing a recombinant (-)strand RNA virus vector in which particle formation ability has been reduced or eliminated. Such a vector, in which VLP formation has been reduced or eliminated, is extremely useful as a vector for gene therapy, since it neither induces cytotoxicity nor immune response due to the secondary release of viruses from cells in which it has been introduced.

**This Page is Inserted by IFW Indexing and Scanning
Operations and is not part of the Official Record**

BEST AVAILABLE IMAGES

Defective images within this document are accurate representations of the original documents submitted by the applicant.

Defects in the images include but are not limited to the items checked:

- ☐ **BLACK BORDERS**
- ☐ **IMAGE CUT OFF AT TOP, BOTTOM OR SIDES**
- ☐ **FADED TEXT OR DRAWING**
- ☐ **BLURRED OR ILLEGIBLE TEXT OR DRAWING**
- ☐ **SKEWED/SLANTED IMAGES**
- ☒ **COLOR OR BLACK AND WHITE PHOTOGRAPHS**
- ☐ **GRAY SCALE DOCUMENTS**
- ☐ **LINES OR MARKS ON ORIGINAL DOCUMENT**
- ☐ **REFERENCE(S) OR EXHIBIT(S) SUBMITTED ARE POOR QUALITY**
- ☐ **OTHER:** _____

IMAGES ARE BEST AVAILABLE COPY.

As rescanning these documents will not correct the image problems checked, please do not report these problems to the IFW Image Problem Mailbox.